

LIETUVOS SVEIKATOS MOKSLŲ UNIVERSITETAS

Šarūnė Marašinskienė

**LIETUVOS ŽALŪJŲ GALVIJŲ
POPULIACIJOS GENETINIŲ IR
FUNKCINIŲ SAVYBIŲ BEI JŲ
EKONOMINIŲ VERČIŲ
KOMPLEKSINIS VERTINIMAS**

Daktaro disertacija
Žemės ūkio mokslai,
gyvūnų mokslai (A 003)

Kaunas, 2024

Disertacija rengta 2019–2024 metais Lietuvos sveikatos mokslų universiteto Gyvulininkystės instituto Ekologijos skyriuje.

Mokslinė vadovė

dr. Violeta Juškienė (Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003).

Konsultantė

dr. Rūta Šveistienė (Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003).

Disertacija ginama Lietuvos sveikatos mokslų universiteto Gyvūnų mokslų krypties taryboje:

Pirmininkė

prof. dr. Asta Racevičiūtė–Stupelienė (Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003).

Nariai:

dr. Jonas Jatkauskas (Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003);

prof. dr. Rolandas Stankevičius (Lietuvos sveikatos mokslų universitetas, žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003);

dr. Antanas Šarkinas (Kauno technologijos universitetas, technologijos mokslai, chemijos inžinerija – T005);

prof. dr. Liga Paura (Latvijos gyvybės mokslų ir technologijų universitetas (Latvija), žemės ūkio mokslai, gyvūnų mokslai – A 003).

Disertacija bus ginama viešajame Gyvūnų mokslų krypties tarybos posėdyje 2024 m. gruodžio 11 d. 11 val. Lietuvos sveikatos mokslų universiteto Gyvulininkystės instituto Posėdžių salėje.

Disertacijos gynimo vietos adresas: R. Žebenkos g. 12, Baisogala, Radviliškio raj., LT-82317.

LITHUANIAN UNIVERSITY OF HEALTH SCIENCES

Šarūnė Marašinskienė

**COMPREHENSIVE EVALUATION OF
THE GENETIC AND FUNCTIONAL
TRAITS OF THE LITHUANIAN RED
CATTLE POPULATION AND THEIR
ECONOMIC VALUES**

Doctoral Dissertation
Agricultural Sciences,
Animal Sciences (A 003)

Kaunas, 2024

The dissertation has been prepared at the Department of Ecology of the Institute of Animal Science of the Lithuanian University of Health Sciences over the period from 2019 to 2024.

Scientific Supervisor

Dr. Violeta Juškienė (Lithuanian University of Health Sciences, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003).

Consultant

Dr. Rūta Šveistienė (Lithuanian University of Health Sciences, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003).

Dissertation is defended at the Animal Sciences Research Council of Lithuanian University of Health Sciences:

Chairperson

Prof. dr. Asta Racevičiūtė–Stupelienė (Lithuanian University of Health Sciences, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003).

Members:

Dr. Jonas Jatkauskas (Lithuanian University of Health Sciences, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003);

Prof. Dr. Rolandas Stankevičius (Lithuanian University of Health Sciences, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003);

Dr. Antanas Šarkinas (Kaunas University of Technology, Technological Sciences, Chemical Engineering – T005);

Prof. Dr. Liga Paura (Latvia University of Life Sciences and Technologies, Agricultural Sciences, Animal Sciences – A 003).

The dissertation will be defended in an open session of the Animal Sciences Research Council of the Lithuanian University of Health Sciences at 11 a. m. on the 11th of December, 2024 in the Conference Hall of the Institute of the Animal Science of the Lithuanian University of Health Sciences.

Address: R. Žebenkos g. 12, Baisogala, Radviliškio distr. LT-82317, Lithuania.

TURINYS

SANTRUMPOS	7
ĮVADAS	10
1. LITERATŪROS APŽVALGA	13
1.1. Pieninės galvijininkystės reikšmė	13
1.2. Istorinė Lietuvos žalųjų galvijų veislės raida	14
1.3. Lietuvos žalųjų galvijų eksterjeras, produktyvumas ir veislinės vertės nustatymas	21
1.4. Tyrimų kryptys Lietuvoje ir užsienyje	25
1.4.1. Populiacijų genetinės struktūros analizė.....	27
1.4.2. Genetiniai tyrimai galvijininkystėje	30
1.5. Pieninių galvijų funkcinių požymių ekonominės vertės	32
2. DARBO METODIKA.....	34
2.1. Galvijų kilmės analizė	36
2.2. Fenotipinių duomenų analizė	39
2.2.1. Pieno produktyvumo rodiklių analizė.....	39
2.2.2. Eksterjero savybių analizė	40
2.3. Genetinės vertės nustatymo metodikų analizė	40
2.4. Genetiniai tyrimai.....	42
2.4.1. Imunogenetinių tyrimų analizė	42
2.4.2. Pavienių nukleotidų polimorfizmo nustatymas	42
2.5 Funkcinių požymių ekonominių verčių vertinimas	43
2.6. Statistinė duomenų analizė	50
3. TYRIMŲ REZULTATAI	51
3.1. Galvijų kilmės analizės rezultatai.....	51
3.1.1. Žalųjų ir žalmargių bei senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijų pokyčiai	51
3.1.2. Veislėje vyraujančio kraujo dalies analizė	53
3.1.3. Populiacijų pradininkų analizė	56
3.1.4. Populiacijų struktūra.....	58
3.1.5. Galvijų populiacijų struktūros pokyčiai	62
3.1.6. Įvaisos laipsnio, koeficiento ir efektyvumo rodiklio analizė.....	67
3.2. Fenotipinių duomenų analizė	70
3.2.1. Pieno produktyvumo rodiklių įvertinimas	70
3.2.2. Karvių eksterjero požymių tyrimo rezultatai.....	77
3.2.3. Eksterjero rodiklių analizė pagal balus ir karvių skaičių.....	92
3.3. Genetinės vertės nustatymo (BLUP) metodikų analizė	97
3.4. Genetinių tyrimų įvertinimas.....	108
3.4.1. Imunogenetinių tyrimų analizė.....	108
3.4.2. Pavienių nukleotidų polimorfizmo nustatymo rezultatai.....	115
3.5. Simuliacinių ekonominių verčių nustatymo rezultatai.....	120
4. REZULTATŲ APTARIMAS	125
IŠVADOS.....	144
REKOMENDACIJOS	146

SUMMARY	147
LITERATŪROS SĄRAŠAS	169
PUBLIKACIJŲ, KURIOSE BUVO PASKELBTI DISERTACIJOS TYRIMŲ REZULTATAI, SĄRAŠAS.....	179
STRAIPSNIŲ KOPIJOS	181
CURRICULUM VITAE	210
PADĖKA	211

SANTRUMPOS

AB	– akcinė bendrovė
AI	– airšyrai
AM	– adityvinis modelis
AN	– anglerai
BLUP	– geriausias nepriklausomas gyvulių vertinimo metodas
CM	– klinikinis mastitas
DAD-IS	– Jungtinių tautų maisto ir žemės ūkio organizacijos ūkinių gyvūnų įvairovės informacinė sistema
DIM	– laktacijos diena
DNR	– deoksiribonukleorūgštis, deoksiribonukleotidų, sujungtų kovalentiniais fosfodiesteriniais ryšiais, polimeras, saugantis ir perduodantis genetinę informaciją
DŽ	– Danijos žalieji
DŽER	– džersiai
EAA	– eritrocitų antigenų sistema A
EAB	– eritrocitų antigenų sistema B
EAC	– eritrocitų antigenų sistema C
EAF	– eritrocitų antigenų sistema F
EAJ	– eritrocitų antigenų sistema J
EAM	– eritrocitų antigenų sistema M
EAS	– eritrocitų antigenų sistema S
EAZ	– eritrocitų antigenų sistema Z
ISAG	– Tarptautinė gyvūnų genetikos draugija
ECM	– energetiškai koreguotas pienas
EV	– ekonominė vertė
<i>f</i>	– vidutinis pridėtinio genetinio ryšio koeficientas
<i>F</i>	– vidutinis įvaisos koeficientas
<i>F</i>₁	– pirmos kartos palikuonės, turinčios 50 proc. anglerų veislės kraujo
<i>F</i>₂	– antros kartos palikuonės, turinčios 75 proc. anglerų veislės kraujo
FAO	– Jungtinių tautų maisto ir žemės ūkio organizacija
GI	– Gyvulininkystės institutas
GYVIS	– gyvulių veislininkystės informacinė sistema
GLM	– tiesinis modelis
<i>He</i>	– lauktinas heterozigotiškumas
<i>Ho</i>	– realusis heterozigotiškumas
HOL	– holšteinai
HWE	– Hardy-Weinberg pusiausvyra

ICAR	– Tarptautinis gyvulių apskaitos komitetas
ID	– individualus numeris
INTERBULL	– Tarptautinis bulių vertinimo komitetas
JAV	– Jungtinės Amerikos Valstijos
K	– klasteris
KK	– kilmės knyga
kg	– kilogramai
LJAP	– atvira Lietuvos juodmargių galvijų populiacija
LJSG	– senojo genotipo Lietuvos juodmargių galvijų populiacija
LJSG_PKK	– senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai, įrašyti į pagrindinį KK skyrių
LJSG_PKKirP	– senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai, įrašyti į pagrindinį ir papildomą KK skyrius
LSD	– aposterioriniai (Post Hoc) kriterijus
LSMU	– Lietuvos sveikatos mokslų universitetas
LŽ	– Lietuvos žalieji
LŽAP	– atvira Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija
LŽSG	– senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai
LŽSG_PKK	– senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, įrašyti į pagrindinį KK skyrių
LŽSG_PKKirP	– senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, įrašyti į pagrindinį ir papildomą KK skyrius
M	– aritmetinis vidurkis
ML	– maksimalios tikimybės modelis
MT	– kelių požymių modelis
n	– imties narių skaičius
Na	– vidutinis alelių skaičius
Ne	– populiacijos efektyvumo rodiklis
NEŽ	– nežinomos kilmės galvijai
nuotr.	– nuotrauka
OD	– ligų dažnis
p	– reikšmingumo kriterijus
pav.	– paveikslas
PCA	– pagrindinių komponentų analizė
proc.	– procentai
R	– regresijos modelis
RDCLTU	– atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai
RR	– atsitiktinės regresijos modelis
SCS	– somatinių ląstelių kiekis
SD	– standartinis nuokrypis
SE	– standartinė paklaida

SIM	– simentaliai
SNP	– pavienių nukleotidų polimorfizmas
ST	– vieno požymio modelis
ŠV	– švicai
ŠŽ	– Švedijos žalmargiai
TD	– tęstinių dienų modelis
ŪGR	– ūkinių gyvūnų registras
UHI	– tešmens sveikatos indeksas
VV	– visos veislės
ŽH	– žalmargiai holšteinai
ŽL	– žalieji galvijai
ŽŪB	– žemės ūkio bendrovė
ŽŪDC	– VĮ Žemės ūkio duomenų centras

ĮVADAS

Gyvulininkystės sektorius, lyginant su augalininkyste, yra mažiau patrauklus dėl didesnių darbo išteklių poreikio, nepertraukiamo darbo proceso ir sudėtingų aplinkosaugos, gyvūnų gerovės bei veterinarijos reikalavimų, kurių įgyvendinimui reikia didelių investicijų. Gyvulininkystės produkcija greitai genda, todėl reikalauja didesnių investicijų tolimesniam apdorojimui bei perdirbimui. Gyvulininkystės plėtra taip pat priklauso ir nuo gyvulių bei gyvulinės kilmės produktų realizacijos situacijos vidaus ir užsienio rinkose bei gyventojų perkamosios galios. Tačiau nežiūrint į tai, Lietuvoje pieno ūkis ir toliau išlieka viena iš prioritetinių žemės ūkio šakų.

Lietuvoje veisiamos dvi pieninių galvijų populiacijos: juodmargių bei ža-
lųjų ir žalmargių galvijų. Juodmargių populiaciją sudaro 73 proc. visų Lietu-
voje laikomų pieninių galvijų, o žalųjų ir žalmargių – 27 proc. [1]. Lietuvos
žalųjų ir žalmargių populiaciją sudaro trylika galvijų veislių: Lietuvos žalieji,
anglerai, Danijos žalieji, Latvijos dvylijeji, Vokietijos žalieji, airšyrai, švicai,
Švedijos žalieji, Estijos žalieji, holšteinai, simentaliai, Norvegijos žalieji ir
Olandijos žalieji. Didžiausią Lietuvoje laikomų žalųjų ir žalmargių galvijų
populiacijos dalį sudaro Lietuvos žalieji galvijai. Ši veislė daugiau nei šimtą
metų buvo kuriama ir tobulinama, vietinius galvijus gerinant su kultūrinių
veislių buliais, daugiausia Danijos žalaisiais [2]. Lietuvos žalųjų galvijų veis-
lė pasižymi unikalios genetinės įvairovės ir yra gerai prisitaikiusi prie vietinių
ūkininkavimo sąlygų.

Tačiau šiuo metu galvijų veislininkystėje vyksta procesai, kurie kelia vis
didesnį susirūpinimą dėl genetinių išteklių įvairovės praradimo [3]. Siekiant
didesnio pelno ir dėl stipriai išvystytos komercinės selekcijos, tradicinės vie-
tinės veislės yra pakeičiamos didelio produktyvumo industrinėmis veislėmis,
dėl to kai kurios veislės išnyksta, o kai kurios atsiduria pavojaus būklėje, ir tai
būdinga ypač ekonomiškai išsivysčiusioms šalims [4]. Šie procesai vyksta ir
Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje. Jų gerinimui plačiai naudojama aukšto
produktyvumo komercinių veislių, daugiausia holšteinų ir žalmargių holštei-
nų, genetinė medžiaga. Ir tik nedidelė dalis Lietuvos žalųjų galvijų veisiama
grynuoju veisimu. Todėl Lietuvos žalieji galvijai šiuo metu yra skirstomi į
senojo genotipo (veisiami grynuoju būdu) ir atviros populiacijos.

Siekiant išsaugoti senojo genotipo Lietuvos žaluosius galvijus, 2001 me-
tais buvo pradėtas jų išsaugojimo darbas. Pradžioje buvo suformuota 100
karvių banda Skaistgirio žemės ūkio bendrovėje (Joniškio r.). 2011 metais,
bendrovei atsisakius vesti galvijus grynuoju veisimu, LSMU Gyvulininkys-
tės institute pradėta formuoti senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų banda,
vykdomas selekcinis darbas ir kaupiamas genų bankas. Nors privatūs augin-

tojai dar laiko pavienių šios veislės karvių, bet bendras šalyje grynuoju veisimu veisiamų karvių skaičius yra labai mažas ir sudaro tik 0,04 proc. visų pieninių karvių skaičiaus Lietuvoje [1]. Dabartiniu metu populiacija sumažėjusi iki kritinės ribos, todėl būtina plėsti veislės išsaugojimo darbus ir pritaikyti efektyvias priemones.

Ne mažiau dėmesio reikia skirti ir veislininkystės darbui su atvira Lietuvos žalujų galvijų populiacija. Didelį dėmesį skiriant gyvulių produktyvumo gerinimui ir efektyvinimui, gali būti prarandamos unikalios veislės savybės ir neužtikrinamas genetinės įvairovės išlaikymas.

Nors veislė pasižymi unikaliomis savybėmis, jos nėra pakankamai išnaudojamos. Todėl siekiant efektyviau panaudoti veislės unikalius bruožus ir patobulinti populiacijos valdymą bei genetinių išteklių išsaugojimo strategiją, o tuo pačiu ir padidinti konkurencingumą, būtina įvertinti Lietuvos žalujų galvijų funkcines produktyvias savybes ir nustatyti jų ryšius ir sąveikas su genetiniais ir ekonominiais rodikliais.

Darbo tikslas

Įvertinti Lietuvos žalujų galvijų populiacijos viduveislinį genetinį potencialą, produktyvias bei fenotipines savybes, panašumus/skirtumus su Europos žalujų galvijų populiacijomis ir apskaičiuoti funkcinių požymių ekonomines vertes, įtakančias populiacijos efektyvumą ir konkurencingumą.

Darbo uždaviniai

1. Atlikti Lietuvos žalujų galvijų kilmės analizę, įvertinant genetinį potencialą, viduveislinę struktūrą ir genetinius ryšius.
2. Atlikti Lietuvos žalujų galvijų genetinius tyrimus, siekiant nustatyti populiacijos viduveislinį ir tarpveislinį kintamumą ir genetinius ryšius su Europos žalujų galvijų populiacijomis (genetinį panašumą/skirtumą).
3. Išanalizuoti Lietuvos žalujų galvijų produktyviųjų bei fenotipinių savybių pokyčius ir įvertinti funkcinių požymių įtaką ekonominiams rodikliams.

Darbo naujumas ir praktinė reikšmė

Žemės ūkio gyvūnų genetiniai ištekliai ir jų genetinė įvairovė yra unikalus ir nepakeičiamas mūsų paveldas ir turtas, kurį privalome išsaugoti ateities kartoms. Genetinės įvairovės išlaikymas ir veislių unikalų savybių išsaugojimas gali būti pagrindiniu raktu sėkmingam ūkinių gyvūnų populiacijų prisitaikymui prie neišvengiamų esamų ir būsimų pokyčių. Tačiau pastaruoju metu stebimas labai spartus gyvūnų genetinių išteklių įvairovės nykimas ir jų praradimas. Rinkos globalizacija, dideli gamybos sistemų ir vartotojų pageidavimų pokyčiai, taip pat beatodairiškas specializuotų veislių veisimo

proceso intensyvėjimas sumažina mažų populiacijų ekonominį gyvybingumą ir konkurencingumą. Todėl vienintelis būdas išsaugoti ir integruoti mažas populiacijas į bendrą veislininkystės sistemą yra jas identifikuoti, apibūdinti ir įvertinti jų specifines genetines, funkcinės ir ekonomines savybes. Šios žinios turėtų būti pritaikytos tobulinant veisimo strategijas bei gamybos schemas siekiant padidinti veislių konkurencingumą panaudojant jų unikalumą.

Disertacinio darbo naujumą sudaro išsamus atviros ir uždaros Lietuvos žalųjų galvijų populiacijų struktūrų pokyčių įvertinimas, atsižvelgiant į viduveislinę genetinę įvairovę. Pirmą kartą buvo atliktas Lietuvos žalųjų galvijų populiacijų genetinis charakterizavimas remiantis pavienių nukleotidų (SNP) tyrimais, taip pat atliktas šių populiacijų tarpveislinis palyginimas su kitomis Europos žalųjų galvijų populiacijomis. Be to, pirmą kartą Lietuvoje buvo apskaičiuotos ir įvertintos Lietuvos žalųjų galvijų funkcinių požymių ekonominės vertės, leidžiančios nustatyti kaip šie požymiai veikia galvijų populiacijų ekonominį efektyvumą ir konkurencingumą. Atliktas produktyviųjų ir fenotipinių savybių kompleksinis vertinimas, kuris leido įvertinti veislinio selekcinio darbo su šiomis populiacijomis rezultatus.

Gauti Lietuvos žalųjų galvijų genetinio potencialo įvertinimo ir genetinių tyrimų rezultatai yra svarbūs optimizuojant veisimo programų įgyvendinimą, nes suteikia vertingų duomenų genetinės įvairovės išsaugojimo ir selekcijos strategijų tobulinimui. Pritaikyti diferencijuoti veisimo sprendimai užtikrina genetinės įvairovės išlaikymą uždaroje populiacijoje, tuo pačiu didindami produktyvumą ir konkurencingumą atviroje populiacijoje. Tokiu būdu šios strategijos sudaro sąlygas efektyviai panaudoti genetinius išteklius ir užtikrinti tvarų produktyvumo augimą, prisidedant prie ilgalaikio gyvulininkystės sektoriaus vystymo.

Atlikta galvijų veislių fenotipinio vertinimo analizė ir kitose Europos šalyse naudojamų vertinimo praktikų įvertinimas leidžia konstatuoti, kad praktikoje didesnę dėmesį reikia skirti galvijų funkcinių požymių gerinimui, ypač akcentuojant gyvulių sveikatą ir ilgaamžiškumą, o taip pat praplėsti Lietuvos žalųjų galvijų veisimo strategijoje taikomą genetinio vertinimo modelį, įtraukiant svarbiausius funkcinius požymius.

1. LITERATŪROS APŽVALGA

1.1. Pieninės galvijininkystės reikšmė

Naminės karvės protėvis aurochas (lot. *Bos taurus primigenius*) – iš Europos kilęs daugumos šiuolaikinių pieninių ir mėsinių galvijų veislių pradininkas. Šių daugiau nei 8000 metų Europoje gyvenančių galvijų populiacijas laikui bėgant veikė tautų raida ir judėjimas bei kultūriniai mainai [5]. Tačiau pagrindinės galvijų veislės susiformavo evoliucionavus senosioms vietinėms populiacijoms. Šiam procesui įtakos turėjo ne tik natūralūs, bet ir dirbtiniai aplinkos veiksniai [6]. Pasiekę skirtingas vietas, gyvūnai pamažu prisitaikė prie specifinių aplinkos sąlygų ir naujųjų šeiminių „kultūrinių lūkesčių“, ir tai sudarė galimybes atsirasti gyvulių genetinei įvairovei. Europos gyvulininkystei istoriškai būdingi dideli fenotipų skirtumai tarp įvairių geografinių regionų galvijų populiacijų [7].

Veislė apibūdinama kaip didelė bendros kilmės gyvulių grupė, turinti panašius morfologinius, fiziologinius ir ūkinius požymius, kurie nuolat perduodami palikuonims. Siekiant veisimo tikslų, svarbu išsaugoti veislės savybes ir įvairovę, nes kiekvienos veislės praradimas atima galimybes iš ateities kartų ir nutraukia ilgalaikes istorines raidas, perduodant įvairias veisles ir tipus iš kartos į kartą [8]. Kalbant apie veislę kaip apibrėžtą gyvūnų grupę su specifinėmis savybėmis, svarbu paminėti, kad šis terminas yra glaudžiai susijęs su platesniu reiškiniu – populiacija, kuri apima bet kokią gyvūnų grupę, turinčią bendrų genetinių charakteristikų arba gyvenančią tam tikroje geografinėje vietovėje, nepriklausomai nuo to, ar ji yra formaliai pripažinta kaip veislė [9].

Jungtinių Tautų maisto ir žemės ūkio organizacija žemės ūkio gyvūnų veisles skirsto pagal geografinį veislių paplitimą ir prisitaikymą prie vietos sąlygų. Vietinės veislės, – tai iš vienos šalies kilusios ar vienoje šalyje susiformavusios veislės. Tarpvalstybinės veislės sutinkamos daugiau nei vienoje šalyje. Taip pat veislės yra skirstomos ir pagal prisitaikymą prie vietos sąlygų [8]. Adaptuotos prie vietos sąlygų veislės (senosios ir / arba vietinės veislės), – tai veislės, susiformavusios ar sukurtos tam tikroje geografinėje teritorijoje ir prisitaikiusios prie vietos sąlygų. Iš užsienio importuotos veislės – tai veislės, adaptuotos prie vietinių sąlygų (produkcijos sistemų), veisiamos šalyje ne mažiau kaip 40 metų ir turinčios ne mažiau kaip šešias kartas, gautas toje šalyje.

XVIII amžiaus pradžioje Europoje prasidėjusi pramonės revoliucija, į gamybos procesus įtraukusi ir miestų gyventojus, padarė didelę įtaką žmonių mitybos pokyčiams: didėjo pieno ir mėsos paklausa [10]. Todėl buvo pradėtas laipsniškas vietinių veislių keitimas produktyvesnėmis veislėmis [8,11]. Vėliau, XIX amžiuje, produktyvioms veislėms (tokioms kaip Holšteino fryzai,

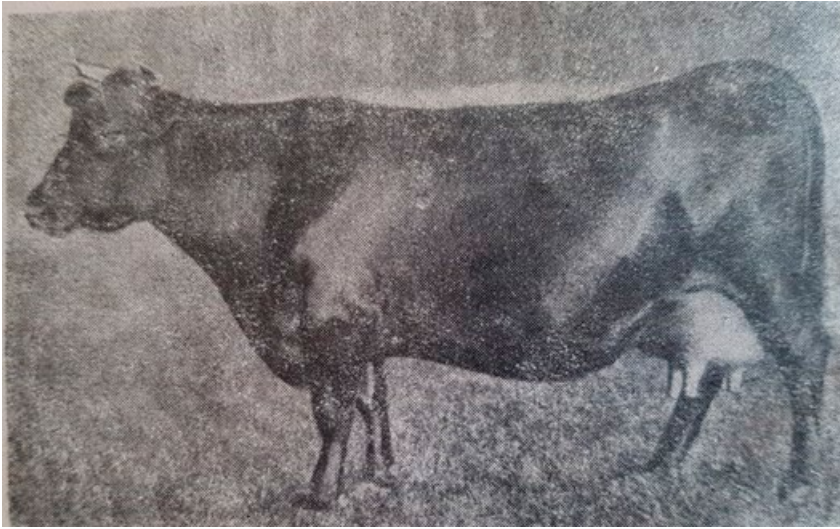
simentaliai, Danijos žalieji, anglerai ir kiti) vystantis ir plintant į daugumą Europos šalių, vietinės veislės pradėjo prarasti svarbą, jų teikiamos produkcijos gamyba tapo nepakankama, veislės pradėtos gerinti produktyvesnėmis, o laikui bėgant, kai kurios netgi išnyko [6]. Šiuo metu FAO duomenų bazėje DAD–IS išvardintos 534 Europos šalių galvijų veislės, iš kurių 464 priskirtos vietinėms arba regioninėms, o 130 veislių jau yra išnykusios.

Europos žalieji galvijai, įskaitant ir Lietuvos žaluosius ir žalmargius galvijus, – unikalus genetinės įvairovės šaltinis [12]. Žalųjų pieninių galvijų veislių gyvuliai yra laikomi visoje Europoje [13], tačiau didžiausios populiacijos auginamos šiaurės Europos šalyse (162 000 karvių): Suomijos airšyrai (70 000 karvių), Švedijos žalieji (66 000 karvių) ir Danijos žalieji (26 000 karvių). Europos žalieji galvijai gerai prisitaiko prie vietos sąlygų, tačiau sunkiai konkuruoja su kitomis produktyviomis pieninėmis veislėmis, o tai kelia pavojų jų tolesniam egzistavimui.

1.2. Istorinė Lietuvos žaluųjų galvijų veislės raida

Istorinė Lietuvos žaluųjų galvijų populiacijos evoliucija, prasidėjusi nuo senųjų amžių, pasiekė svarbų vystymosi etapą XIX amžiaus antroje pusėje iki Pirmojo pasaulinio karo. Tai laikotarpis, kuris laikomas pirmuoju Lietuvos pieninių veislių kūrimo etapu. Tuo laiku, remiantis prof. J. Petraičio surinktais duomenimis, į mūsų šalį buvo įvežta Danijos žaluųjų, anglerų, Olandijos, Jutlandijos ir Švedijos juodmargių, ostfryzų, švicų, airšyrų, Švedijos žalmargių, simentalių, šorthornų ir kitų veislių galvijų. Vis dėlto jų naudojimas vietinėms veislėms gerinti nebuvo planingas [14].

Reikšmingas indėlis mūsų vietinių galvijų gerinime tenka Danijos žaliams galvijams, kurie į Lietuvos šiaurinius ir šiaurės rytų regionus atvežti jau XIX amžiaus pabaigoje [15]. 1892 metais iš Danijos į Ginkūnų dvarą buvo atvežta 40 veršingų telyčių ir 2 buliai (1.2.1 pav.). Iš šio dvaro Danijos žalieji paplito po šiaurinius Lietuvos rajonus ir reikšmingai pagerino vietinių galvijų populiaciją. Paskui, iki pat Pirmojo pasaulinio karo, reguliariai buvo įvežama po keletą bulių ir telyčių, tačiau veislės nebuvo skirstomos pagal rajonus, o galvijai įvežami, neatsižvelgiant į vienos ar kitos veislės išplitimą. Tik vėliau Lietuvos šiaurės ir rytų regionuose pradėjo formotis žaluųjų galvijų masyvas [14]. Tuo laikotarpiu, maždaug per 10 metų, grafų Zubovų dvaruose jau laikyta apie 1500 karvių, iš kurių pusė – Danijos žaluųjų. Iš Ginkūnų, Medemrodės ir kitų dvarų Danijos žalieji ir jų mišrūnai toliau sėkmingai plito po apylinkes [16].



1.2.1 pav. 1892 metais iš Danijos į Ginkūnus (Šiaulių r.) atvežta Danijos žalujų veislės karvė

Atkuriant Pirmojo pasaulinio karo nuniokotą nepriklausomos Lietuvos žemės ūkį, buvo skiriamas dėmesys vietinių galvijų veislių gerinimui. 1924 metais susikūrė Lietuvos žalujų veislės galvijų augintojų ir Lietuvos vietinių galvijų gerinimo draugijos, kurios 1933 metais susijungė su Lietuvos centrine galvijų kontrolės ratelių sąjunga ir sudarė Lietuvos galvijų auginimo ir kontrolės ratelių sąjungą. Šios organizacijos kaip tik ir rūpinosi Danijos žalujų galvijų įvežimu ir jų planiniu veisimu Lietuvoje [14,15].

Tuo metu dar tęsėsi XIX amžiaus pabaigoje prasidėjusi diskusija dėl galvijų gerinimo būdų. Dalis pasisakiusiųjų matė tik vieną gerinimo būdą – importuoti kultūrinių veislių galvijus, kiti agitavo už nuosaikų vietinių galvijų gerinimą. Tačiau su laiku abejonių dėl pastarojo būdo – saikingo kultūrinių veislių naudojimo – vis mažėjo [17].

Didžiausią įtaką veislės formavimui padarė 1922–1937 metais įvežti 437 Danijos žalieji galvijai, iš kurių 103 – buliai. Šie galvijai turėjo reikšmingą įtaką dabartinei veislės genealoginei struktūrai, jie yra šiuolaikinių Lietuvos žalujų galvijų linijų ir giminingų grupių pradininkų artimesni arba tolimesni protėviai. Iš tuo laikotarpiu įvežtų galvijų paminėtini buliai Eske LT600, Caras LT455, Mikelis LŽ 1, Baronas LT181, Nordgaard LŽ35, Baublys LŽ7, Erdvilas LT456, Princas LŽ43 ir kiti [15,18]

Nors 1941 metais buvo įsteigti pirmieji Lietuvos žalujų galvijų veislininkystės ūkiai, pradėtas galvijų bonitavimas ir atkurti kooperatiniai bei valstybiniai kergimo punktai [19], deja, per Antrąjį pasaulinį karą labai nukentėjo dvarai, kuriuose buvo produktyviausios žalujų galvijų bandos. Taip pat didelę

žalą padarė kolektyvizacija, pažangių ūkininkų trėmimas, jų bandų sunaikinimas. Tai labai apsunkino veislininkystės darbą, bet jo nenutraukė.

1951 metais Lietuvos žalujų galvijų veislė buvo pripažinta savarankiška veisle [14], tačiau net ir pripažinus veislę savarankiška, nuo 1956 metų Lietuvos žaliesiems gerinti įvairiais selekcijos etapais naudotos veislės su skirtingomis biologinėmis ir ūkinėmis savybėmis [2]. Veislę imta veisti atvirų populiacijų principu, naudojant kitų žalujų ir žalmargių veislinę genetinę medžiagą [20].

Ypač teigiamos įtakos veislės gerinimui turėjo 1956–1958 metais šalyje atkurta gyvulių veislininkystės sistema, plečiama galvijų produktyvumo kontrolė ir sėklinimas [21].

Nuo 1956-ųjų iki 1990 metų Lietuvos žaliesiems galvijams gerinti buvo atvežta 1216 Danijos žalujų veislės galvijų – 242 buliai ir 974 telyčios. Dalis šių galvijų tapo rinktinėmis karvėmis ir buvo išauginta nemažai vertingų bulių, kurie pagerino Lietuvos žalujų veislės pieningumą, pieno riebumą ir baltymingumą [22].

1960 metų sausio 1 dieną atliktas veislinių galvijų surašymas atskleidė, kad tuo metu Lietuvoje buvo 21 8059 Lietuvos žalujų veislės veisliniai galvijai ir 1206 danų, estų ir latvių žalieji galvijai. Tuo metu buvo vykdomas veislių rajonavimas ir Lietuvos žalieji galvijai apėmė šiaurinius rajonus, taip pat rytų ir pietryčių rajonus (1.2.2 pav.). Tačiau buvo zonų, kuriose greta Lietuvos žalujų veislės galvijų buvo veisiami ir Lietuvos juodmargiai. Todėl buvo numatyta sudaryti ištisus veislių masyvus, t. y. ten, kur Lietuvos žalujų zonoje buvo Lietuvos juodmargių, numatyta pastaruosius sėklinti Lietuvos žalujų bulių sperma ir juos paversti Lietuvos žalaisiais, ir priešingai su Lietuvos juodmargiais [14].



1.2.2 pav. Lietuvos žaliųjų ir Lietuvos juodmargių galvijų rajonavimas 1960 m.

Atkuriant karo nuniokotą galvijų ūkį, nuspręsta įsivežti Lietuvos žaliams galvijams giminingų galvijų, ypač bulių, tad iki 1961 metų į Lietuvą kasmet buvo įvežama nemažai Estijos žaliųjų ir Latvijos dvylių veislių bulių, kurie sudarė Kams Bryderups LB836–, Lapp AT 5581, Tousik AT 5559, Kungs Maksis LB 8420, Donis Odins LB 2029 ir kitų bulių giminingas grupes. 1957–1963 metų laikotarpiu į Lietuvą buvo įvežti 65 Danijos žaliųjų veislės buliai ir 172 telyčios iš Danijos ir tuometinės Čekoslovakijos. Visi šie galvijai priklausė garsioms Danijos bulių Eske Stbg. 2240 ir Hojager Stbg. 2168 linijoms [15].

Vienas žymiausių Lietuvos žaliųjų galvijų veislės kūrėjų Juozas Petraitis 1963 metais išskyrė tris Lietuvos žaliųjų galvijų veislės formavimosi etapus. Pirmiausia, pasak jo, vyko neplaningas vietinių galvijų mišinimas su importuotais Danijos žalaisiais, olandų fryzais, airšyrais, švicais, švedų žalmargiais ir kitų didelio produktyvumo veislių galvijais. Tuomet prasidėjo pirmame etape gautų mišrūnų išstumiamasis / pakeičiamasis mišinimas su Danijos žalaisiais galvijais. Tokiu būdu gauti didelio produktyvumo galvijai buvo ekonomiškai naudingi pašarų atžvilgiu, tačiau buvo palyginti mažo mėsingumo, nepakankamai greitai brendo ir turėjo tam tikrų eksterjero trūkumų: netiesią viršutinę kūno liniją, siauroką krūtinę, smailą užpakalį. Trečiajame etape buvo pasitelktas įterpiamasis mišinimas su šorthornų veislės pieninio tipo galvijais, kuris padidino Lietuvos žaliųjų galvijų mėsingumą, pataisė eksterjero trūkumus, pagreitino brendimą ir ypač tešmens vystymąsi [14].

Lietuvos žaliųjų galvijų veislė nuo 1966 metų buvo gerinama pagal selekcijos programas, anksčiau vadintas „planais“. Programos pradėtos kurti tuo-

met, kai iš karvės Lietuvoje buvo primelžiama vidutiniškai 3000 kg pieno per metus [21].

1963–1980 metais žaluosius galvijus pradėta gerinti anglerų veislės buliais – į Lietuvą buvo įvežta 46 anglerų veislės buliai [18]. Iki 1978 metų žaliesiems galvijams veisti ir gerinti buvo naudojami tik Lietuvos žalujų, Danijos žalujų, Estijos žalujų, Latvijos dvylių ir anglerų veislių buliai. Vėliau, siekiant pagerinti karvių tešmens tinkamumą mechaniniam melžimui, buvo panaudoti airšyrų, džersių ir žalmargių holšteinų veislių buliai. Nuo 1984 metų įvežamiems Danijos žaliesiems jau buvo įlieta švicų ir žalmargių holšteinų veislių kraujo [22].

1993 m. gegužės 26 d. buvo įkurta Lietuvos žalujų galvijų gerinimo draugija (nuo 1996–ųjų vadinama asociacija). Norėdami bendradarbiauti, 1993 m. spalio 5 d. Danijos, Vokietijos, Lietuvos, Latvijos ir Estijos atstovai sukūrė Europos žalujų galvijų augintojų asociacijų konfederaciją. Prie jos prisijungė Švedijos žalmargių ir Suomijos airšyrų, Lenkijos ir Norvegijos žalujų galvijų asociacijos [23].

Lietuvos žaliesiems galvijams gerinti 1994–1995 m. įvežta jaunų buliukų: 21 Danijos žalasis, 5 anglerai ir 1 Švedijos žalmargis. Labai palankiomis sąlygomis gauti ir Lietuvoje naudoti 2 Danijos žalieji ir 7 anglerų veislės buliai. Pastarieji 9 buliai buvo jau įvertinti per palikuonių produktyvumą Danijoje ir Vokietijoje. 1996 metais į Upytės eksperimentinį ūkį atvežtos 59 Švedijos žalmargės, o į Žvirblonių žemės ūkio bendrovę – 60 anglerų veislės telyčių [21].

Remiantis kontroliuojamų gyvulių bandų produktyvumo duomenimis, iki 1999 metų Žalujų galvijų populiaciją sudarė Lietuvos žalieji, anglerai ir Danijos žalieji. Kitos pieninės veislės, tokios kaip airšyrai, švicai, Vokietijos žalmargiai ir Švedijos žalmargiai, sudarė atskirą kitų veislių grupę. Nuo 1999–2000 metų Žalujų galvijų populiacija buvo priskirta bendrai Žalujų ir žalmargių populiacijai, kurią sudarė Lietuvos žalieji, anglerai, Danijos žalieji, airšyrai, švicai, Vokietijos žalmargiai ir Švedijos žalmargiai galvijai [24].

Daugiau nei šimtą metų buvo kuriama ir tobulinama Lietuvos žalujų galvijų veislė. Ji sukurta naudojant Danijos žaluosius, vėliau gerinant Danijos žalaisiais ir anglerais. Ketvirto dešimtmečio pabaigoje veislė buvo baigiama kurti ir toliau tobulinama, panaudojant geriausių užsieninių veislių genetinį potencialą [14, 15, 25].

Senajo genotipo Lietuvos žalaisiais galvijais buvo susirūpinta 1998 metais Lietuvos Gyvulininkystės institute, prof. J. Šveiščio siūlymu [26]. Siekiant neprarasti specifinių genų dėl intensyvaus mišrinimo, senajo genotipo Lietuvos žalujų galvijų saugojimas nuo 2001 metų buvo koncentruotas privačiame Skaistgirio ŽŪB ūkyje. Čia buvo saugoma 100 atrinktų karvių banda, kuriai buvo parengtas specialus veisimo planas [19]. Tačiau dėl nepakankamos fi-

nansinės paramos po dešimtmečio bendrovė nutarė nutraukti ekonomiškai nepelningą senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų veisimą. Siekiant išsaugoti senojo genotipo Lietuvos žaluosius galvijus, 2011 metais išlikusi genofondo bandos dalis buvo perpirkta ir pradėta formuoti Lietuvos sveikatos mokslų universiteto Gyvulininkystės instituto Lietuvos ūkinių gyvūnų genetinių išteklių apsaugos koordinavimo centre [22].

Atkūrus Lietuvos nepriklausomybę ir atsiradus galimybei keisti visuomenės požiūrį į gyvūnų genetinių išteklių išsaugojimą, jau 1992 metais Lietuva Rio de Žaneire pasirašė Jungtinių Tautų biologinės įvairovės konvenciją, kurią Seimas ratifikavo 1995 metais, ir įsipareigojo saugoti savo genetinius išteklius. Jungtinių Tautų Biologinės įvairovės konvencija – tai tarptautinė sutartis, kurios pagrindiniai uždaviniai yra biologinės įvairovės išsaugojimas, tvarus jos komponentų naudojimas ir sąžiningas bei teisingas naudos, gaunamos iš genetinių išteklių, pasidalijimas. Šią sutartį yra pasirašiusios iš viso 193 šalys [27].

1995 metais Lietuvos senosios vietinių baltnugarių ir šėmų galvijų veislės pripažintos saugotinomis tarptautiniu mastu ir buvo įtrauktos į Pasaulio žemės ūkio gyvūnų įvairovės duomenų banką, įsteigtą prie Tarptautinės maisto ir žemės ūkio organizacijos [3]. 2000 metais papildomai įtrauktos ir XX amžiuje sukurtos veislės: senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (olandiško tipo) ir žalieji galvijai (daniško genotipo). Visos šios vietinių galvijų veislės yra priskiriamos prie nykstančių [3], trys iš šių veislių yra nykstančios – saugomos, o viena – senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija – kritinės būklės ir galinti išnykti, jei nebus pritaikytos ir įgyvendintos tinkamos veisimo ir valdymo strategijos.

2005 metais prasidėjusi programa „Nykstančių Lietuvos senųjų veislių gyvulių ir naminių paukščių išsaugojimas“ suteikė postūmį ūkininkams įsitraukti į senųjų vietinių veislių auginimą, teikiant jiems finansinę paramą ir skatinant biologinės įvairovės plėtrą ūkiuose.

Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai iki 2007 metų buvo įrašomi į kilmės knygą kartu su kitais atviros žaliųjų ir žalmargių populiacijos galvijais. Tai neleido tinkamai stebėti šių galvijų, iš kurių gaunama mažiau pajamų, lyginant su kitomis tarptautinėmis ar pagerintomis veislėmis, todėl 2008 m. senojo genotipo galvijai buvo atskirti ir jiems suteiktas atskiras veislės kodas (94) [28]. Siekiant gauti aiškesnį vaizdą apie išsaugojimo darbus, 2019 metais buvo patvirtintos naujos veisimo programos su griežtais reikalavimais grynajam veisimui, todėl pagrindinėje kilmės knygos dalyje pateikiami duomenys tapo itin svarbūs veislių analizei atlikti [29]. 1.2.3 paveiksle parodyti Lietuvos žaliųjų (senojo genotipo ir atviros populiacijos) galvijų veislių vystymosi svarbiausi įvykiai laiko juostoje nuo 1892 metų.

	1892	1924	1951	1984	1995	2000		2001	2005	2008	2010	2019
LIETUVOS ŽALIEJI GALVIJAI (LŽ)	Pradėtas Lietuvoje vietinių galvijų gerinimas Danijos žalaisiais	Įkurta Lietuvos žaliųjų galvijų draugija bei pradėtos vesti kilmės vestės knygos	Pripažinta oficialiai Lietuvos žaliųjų galvijų veislė	Įvežti Danijos žalieji su įlietu švicų ir žalmargių holšteimų veislių krauju	Pradėti intensyviai naudoti Švedijos žalmargiai	Įtraukti Žalieji galvijai (daniško genotipo veislė) į Pasaulio žemės ūkio gyvūnų įvairovės duomenų banką ir katalogą	SENOJO GENOTIPO LŽ	Suformuota genofondinių galvijų banda Skaistgirio ŽŪB	Prasidėjo programa „Nykstančių Lietuvos senujų veislių gyvulių ir naminių paukščių išsaugojimas“	Suteiktas Senojo genotipo Lietuvos žaliams galvijams atskiras kodas (94)	Pradėta formuoti senojo genotipo LŽ banda LSMU GI nupirkus 18 karvių iš Skaistgirio ŽŪB	Parengta senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų veisimo programa 2019-2030 metams
								ATVIROS POPULIACIJOS LŽ				

1.2.3 pav. Lietuvos žaliųjų ir žalmargių bei senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijų vystymosi svarbiausi įvykiai laiko juostoje

Šaltinis: sudaryta autorės

Iš 1.2.3 paveikslo duomenų matyti, kad nuo 2000 metų Lietuvos žalujų galvijų veislė suskirstyta į dvi: Lietuvos žalujų ir žalmargių, kuri yra orientuota į veislės gerinimą kitų šalių veislėmis medžiaga [30] ir senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų – veislės autentiškumo ir genetinio paveldo išsaugojimas [22]. Šis suskirstymas atveria galimybę detaliai išanalizuoti ir palyginti jų veisimo programas (1.2.1 lentelė).

1.2.1 lentelė. Pagrindiniai Lietuvos žalujų galvijų atviros populiacijos ir senojo genotipo veisimo programų kriterijai

KRITERIJAI	LIETUVOS ŽALIEJI GALVIJAI	
	ATVIRA POPULIACIJA	SENOJO GENOTIPO
GENETINIS VEISLĖS GERINIMAS	Leidžiamas gerinimas kitų šalių veislėmis medžiaga	Neleidžiamas genetinis gerinimas kitomis veislėmis
VEISLĖS AUTENTIŠKUMO IŠSAUGOJIMAS	Mažiau pabrėžiamas, daugiau dėmesio skiriama savybių gerinimui	Stipriai pabrėžiamas, siekiama išlaikyti veislės išskirtines savybes
VEISLĖS GERINIMO STRATEGIJA	Aktyvus veislių gerinimas, siekiant įveisti pageidaujamas savybes	Orientuojamasi į veislės savybių išsaugojimą
VEISLĖS GENETINĖ ĮVAIROVĖ	Didinama įtraukiant naują genetinę medžiagą	Gali mažėti dėl įvaisos ir riboto genų srauto
ĮVAISOS RIZIKA VEISLĖJE	Mažesnė dėl didesnės genetinės įvairovės	Didėja, nes veisimas vyksta tik mažos populiacijos viduje

Šaltinis: sudaryta autorės.

1.3. Lietuvos žalujų galvijų eksterjeras, produktyvumas ir veislinės vertės nustatymas

Atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai (1.3.1 ir 1.3.2 pav.). Atsižvelgiant į tai, kad Lietuvos žalujų veislė savarankiška veisle oficialiai buvo pripažinta 1951 metais, yra ypač svarbu turėti aiškų vaizdą apie tai, kaip atrodė Lietuvos žalieji galvijai tuo istoriniu laikotarpiu. J. Petraitis [14] atidžiai išnagrinėjo Lietuvos žalujų veislės galvijų eksterjerą, remdamasis 1930–1939 metų 2718 karvių ir 251 buliaus duomenimis, taip pat įtraukdamas į analizę 1959 metų 595 karvių duomenis. Tyrimas atskleidė, kad Lietuvos žalujų veislės galvijai išsiskiria savo pieno tipo kūno struktūra, pasižyminčia lengva ir sausa sudėtimi. Jų kailio spalva varijuoja nuo prinokusios vyšnios raudonumo iki tamsiai dvylos, durpinės arba raudonai juodos, o nemaža dalis šių gyvūnų pasižymi baltomis dėmėmis įvairiose kūno vietose. Šių dėmių kiekis skiriasi tarp individų, tačiau augintojai paprastai nevertina jų kaip trūkumo, jei galvijų produktyvumas, ypač pieno riebumas, yra aukštas. Be to, daugelio galvijų nagos yra tamsiai pilkos ar juodos, o ragai – šviesūs su tamsiais

galais. Lietuvos žalujų veislės galvijų oda pasižymi plonumu ir elastingumu. Bulių galvos yra vidutinio sunkumo, o karvių – lengvos ir sausos. Jų liemuo yra ilgas, gilus, platus, o krūtinė – ilga, gili bei plati. Mentės yra ryškios ir tvirtai pritvirtintos, su vidutinio nuožulnumo bruožais. Pilvas platus, didelis, o tešmuo – gerai išvystytas, vidutinio dydžio arba didelis, platus, gilus ir simetriškas.



*1.3.1 pav. Atviros populiacijos Lietuvos žalmargė karvė
(J. Darbuto nuotr.)*



*1.3.2 pav. Atviros populiacijos Lietuvos žalujų karvių banda
(J. Darbuto nuotr.)*

Tačiau šiuo metu apibūdinti atviros populiacijos Lietuvos žaluosius galvijus yra sudėtinga, pagal 2019–2023 metų Lietuvos žalujų galvijų patvirtintą gerinimo programą, Lietuvos žalujų ir žalmargių galvijų genetiniame gerini-

me tiesiogiai dalyvauja šešių Konfederacijos narių veislės. Be to, gerinimui pasitelkiama ir Konfederacijai nepriklausančių švicų, žalmargių, holšteinų, džersių, vėliau – montbeliardų bei pieninių simentalių veislinė medžiaga. Produktyvumo, stambumo, eksterjero, konstitucijos tvirtumo ir galūnių gerinimui naudojami Danijos žalieji galvijai. Anglerai, pasižymintys aukšta pieno kokybe ir puikiomis vaisos bei tešmens savybėmis, naudojami Lietuvos žalujų ir žalmargių galvijų minėtų savybių gerinimui. Švedijos žalieji galvijai pasirinkti dėl jų įtakos produktyvumo ir vaisos savybių gerinimui. Žalmargių holšteinų bulių dukterys yra stambesnės, aukštesnės, ilgesnės, platesnių klubų, geriau išreikšto pieno tipo, su geresnėmis tešmens savybėmis. Todėl jie plačiai naudojami Lietuvos žalujų pieningumui ir minėtoms eksterjero savybėms gerinti.

Senajo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (1.3.3 ir 1.3.4 pav.) yra tvirtos, pakankamai švelnios konstitucijos, žalos įvairaus atspalvio spalvos. Karvių galva vidutinio didumo, sausa, kaklas ilgas, neplatus, mažai raumeningas, be pagurklio. Ragai vidutinio ilgio ir storio, nukreipti į šonus ir į priekį. Liemuo ilgas, gilus, krūtinė ilga, gili, didelės apimties. Oda vidutinio storumo, elastinga. Kojos – vidutinio ilgumo, dažnai labiau sulenktos ties kulkšnimi, su tvirtomis tamsiomis nagomis. Tešmuo vidutinio didumo, gilus, speniai cilindriški, rečiau kūgiški, dažnai ilgesni – 6–7 cm ilgio, ties kryžiumi – 130–135 cm. Suaugusio buliaus svoris – iki 900 kg, karvės – 500 kg. 2007 metų duomenimis, Skaistgirio ž. ū. bedrovės saugomos senajo genotipo Lietuvos žalujų galvijų bandos vidutinis produktyvumas buvo 5500 kg, pieno riebumas – 3,65 proc., o baltymingumas – 3,5 proc. [19].



1.3.3 pav. Senajo genotipo Lietuvos žaloji karvė
(Šaltinis: <https://gic.lsmuni.lt/en/node/13>)



1.3.4 pav. Senojo genotipo Lietuvos žalujų karvių banda (J. Darbuto nuotr.)

Veislinės vertės nustatymas. Ūkinių gyvūnų veislininkystės pagrindas – vykdoma gyvulių produktyvumo kontrolė. Lietuva jau nuo 1996 metų yra Tarptautinio gyvulių apskaitos komiteto (ICAR), vienijančio per 70 visateisių ir 30 asocijuotų (neturinčių balsavimo teisės) narių (Įsakymas Nr. 3D-683), narė. Per pastaruosius penkiasdešimt metų ICAR išsivystė į pasaulinę organizaciją, kuri nustato standartus ir gaires gyvūnų registracijai, identifikavimui ir genetiniam vertinimui. Šios organizacijos viena iš darbo grupių – „Interbull“ centras (Tarptautinis bulių vertinimo komitetas), kuris priklauso Švedijos žemės ūkio mokslų universiteto Gyvūnų veislininkystės ir genetikos departamentui. Norint kryptingai siekti veislininkystėje užsibrėžtų tikslų, labai svarbu kaupti ir analizuoti su ūkinių gyvūnų produktyvumu, genetinės kokybės tyrimų ir kilmės nustatymu susijusius duomenis, užtikrinti operatyvų duomenų patekimą į vieningą duomenų bazę, jų apibendrinimą, sisteminimą, veislinės vertės nustatymą ir laiku patekimą vartotojams.

Galvijų genetinio vertinimo pagal eksterjero požymius metodika parengta vadovaujantis Tarptautinio gyvulių apskaitos komiteto (angl. International Committee for Animal Recording; ICAR) ir Tarptautinės bulių vertinimo tarnybos (angl. International Bull Evaluation Service; Interbull) patvirtintomis rekomendacijomis [31].

Pieninių veislių galvijų veislinei vertei nustatyti taikomas genetinio įvertinimo metodas: vieno požymio BLUP (Geriausias nepriklausomas gyvulių vertinimo metodas, angl. Best linear unbiased prediction). Šis metodas yra naudojamas įvairiose šalyse taip pat ir Lietuvoje gyvulių veislinei vertei nustatyti. Galvijai, atsižvelgiant į jų veislę, vertinami juodmargių arba žalujų ir žalmargių galvijų populiacijoje atskirai.

1.4. Tyrimų kryptys Lietuvoje ir užsienyje

Pieno gamyba yra reikšminga agro-maisto pramonės šaka Europos Sąjungoje (ES) [32], taip pat ir Lietuvoje, kur ji sudaro maždaug penktadalį visos žemės ūkio produkcijos ir užima prioritetinę poziciją žemės ūkio sektoriuje [33]. Pagrindinis pieninės galvijininkystės sektoriaus tikslas yra padidinti pieno gamybos apimtį. Lietuvoje, pagal pieno kontrolės duomenis, karvių produktyvumas nuo 2005 iki 2021 metų padidėjo 1,5 karto [1]. Lietuvoje veisiamos dvi pieninių galvijų populiacijos: juodmargių bei žalujų ir žalmargių. Juodmargių populiaciją sudaro 73 proc. visų Lietuvoje laikomų pieninių galvijų, žalujų ir žalmargių – 27 proc.

Dabartinė Lietuvos žalujų ir žalmargių galvijų populiacija suformuota, Lietuvos žaliesiems pirmiausia įliejus Danijos žalujų ir anglerų kraujo, vėliau veislė pagerinta pasitelkus švicų ir žalmargių holšteinų, dar vėliau – Švedijos žalujų ir Suomijos bei Kanados airšyrų veisles. Šiuo metu Lietuvoje laikomų žalujų ir žalmargių galvijų populiaciją sudaro dvylika žalujų galvijų veislių: Lietuvos žalieji, anglerai, Danijos žalieji, Latvijos dvylieji, Vokietijos žalieji, airšyrai, švicai, Švedijos žalieji, Estijos žalieji, holšteinai, simentaliai ir Norvegijos žalieji [1].

Pasaulio šalyse, kur pieninė galvijininkystė yra pasiekusi puikių rezultatų (JAV, Kanadoje, Olandijoje, Vokietijoje, Danijoje ir kt.), karvių atrankai pagal jų išvaizdą jau seniai skiriama daug dėmesio [34]. Pagal karvės eksterjerą iš dalies galima spręsti apie jos produktyvumą, sveikatos būklę ir ilgaamžiškumą [35]. Lietuvoje selekcinis darbas orientuojamas į galvijų primilžį bei pieno riebumo, ypač baltymingumo, didinimą.

Kaip vienas tinkamiausių metodų pageidaujamos galvijų savybėms sparčiai gerinti yra giminingų veislių, išsiskiriančių tomis pageidaujamosiomis savybėmis, naudojimas [36]. Nors giminingų veislių, pasižyminčių pageidaujamosiomis savybėmis, naudojimas yra vienas iš efektyviausių būdų sparčiai gerinti galvijų savybes, svarbu nepamiršti išlaikyti gerinančios veislės autentiškumą, užtikrinant jos unikalumo išsaugojimą.

Mokslininkai, atlikę tyrimus su Lietuvos pieniniais galvijais, nustatė, kad pagal bendrą kūno išsivystymą apibūdinančių požymių ir karvių ūkinio naudojimo trukmės koreliacinę analizę, žemesnės žalosios bei žalmargės karvės yra geriau prisitaikiusios prie šalies ūkinių sąlygų ir yra ilgiau naudojamos pieno ūkiuose [37].

Mokslininkų grupė [38], analizuodama 1997–1998 metų skirtingų genotipų karvių pieno baltymingumą, nustatė, kad holšteiniais pagerintų Lietuvos žalujų karvių kilmėje didėjant holšteinų kraujo kiekiui, pieno baltymingumas turi tendenciją palaiapsniui mažėti, o pieno baltymų produkcijos kiekis didėja,

nors statistiškai patikimi rezultatai buvo skirtumas (6,4 kg) tik esant 50 proc. holšteinų kraujo.

J. Darbuto [36] atliktas anglerų veislės įtakos Lietuvos žaliesiems tyrimas parodė, kad anglerų telyčaitės bei Lietuvos žalujų ir anglerų F_1 (pirmos kartos palikuonės, turinčios 50 proc. anglerų veislės kraujo ir F_2 (antros kartos palikuonės, turinčios 75 proc. anglerų veislės kraujo) palikuonės augo pakankamai greitai. Anglerų veislės ir ja pagerintos Lietuvos žaliosios išaugo aukštesnės, su gilesne krūtine. Anglerų veislės telyčios ir karvės po pirmo apsisėriavimo turėjo pieno tipo galvijams būdingesnius eksterjero požymius, o F_1 ir F_2 palikuonės paveldėjo tarpinį šios veislės ir Lietuvos žalujų galvijų eksterjerą.

Petrakova su bendraautoriais [2] ištyrė žinomos ir nežinomos kilmės Lietuvos žalujų karvių produktyviasias savybes ir nustatė, kad kilmės žinomumas turėjo statistiškai patikimos įtakos karvių produktyvumui. Žinomos kilmės karvių pieningumas, pieno baltymų ir riebalų kiekis, didėjant laktacijų skaičiui, mažėjo, o per paskutines laktacijas buvo mažesnis negu nežinomos ir nevisiškai žinomos kilmės karvių. Tačiau karvės, kurių ne visa kilmė žinoma, gyveno ilgiau.

Dėl savo funkcinių savybių ir geros sveikatos žalujų pieninių galvijų veislės atlieka svarbų vaidmenį Europos pieno sektoriuje [39]. Nors jų paplitimas dažnai apsiriboja nedideliais geografiniais regionais, yra žinoma, kad tokios tradicinės veislės gerai prisitaikiusios prie vyraujančių aplinkos sąlygų [40]. Šiuolaikinės Europos žalujų pieninių galvijų veislės plačiai paplitusios tiek Europoje, tiek už jos ribų, tačiau mažų galvijų populiacijos susiduria su tam tikrais iššūkiais. Vienas jų – genetinio augimo pagreitis. Šis aspektas yra labai svarbus, nes padidėjus atotrūkiui nuo komercinių galvijų veislių (pvz., Holšteino fryzų), vietinės galvijų veislės tampa vis mažiau konkurencingos [41], todėl ūkininkams jos yra ekonomiškai neperspektyvios. Kalbant apie produkcijos gamybą, žalieji galvijai paprastai laikomi prastesniais nei Holšteino fryzų veislės, tačiau dažnai jie pranoksta pastaruosius funkciniais požymiais, tokiais kaip vaisingumas, gera sveikata ir veršiamosi savybės [42,43].

Nyman su grupe mokslininkų [39] akcentuoja, kad veislės formavimas ir selektyvus veisimas lėmė genetinių skirtumų atsiradimą ir sumažino efektyvų populiacijos dydį, dėl ko išnyko daug galvijų veislių, padaugėjo nykstančių veislių, ir visa tai turėjo įtakos žalujų galvijų genetinei įvairovei Europoje. Žalujų galvijų veislės laikomos visoje Europoje ir gali būti skirstomos į didesnes (įprastas) veisles ir mažesnes – vietines [44]. Mažesnės žalujų galvijų veislės naudojamos tik vietoje, tam tikruose regionuose, o didesnės – daugelio šalių pagrindinėje gamybos aplinkoje. Vietinių žalujų veislių išsaugojimas yra būtinas, norint išlaikyti genetinę įvairovę [45]. Praeityje tradicinių veislių labai sumažėjo, nes jas pakeitė labai produktyvios veislės [11]. Todėl vietinės

populiacijos paprastai turi siaurą genetinę bazę, kuri riboja atrankos galimybes. Tikslingas mažų veislių genetinis valdymas yra ypač svarbus, siekiant užtikrinti šių veislių išsaugojimą [46].

ReDiverse projektas „Europos pieninių galvijų viduveislinė ir tarpveislinė bioįvairovė – išsaugojimas per panaudojimą“. 2017–2021 metais LSMU Gyvulininkystės instituto mokslininkai kartu su užsienio partneriais iš Danijos, Vokietijos, Latvijos, Nyderlandų, Norvegijos, Lenkijos ir Švedijos vykdė tarptautinį projektą „Europos pieninių galvijų viduveislinė ir tarpveislinė bioįvairovė – išsaugojimas per panaudojimą“ (ReDiverse <https://era-sus-an.eu/content/rediverse>).

Šis projektas buvo įgyvendinamas pagal Europos programą „Horizontas 2020“ projekto ERA-NET SusAn „Europos mokslinių tyrimų erdvė darnioje gyvulininkystės sistemose“ šaukimą, finansavimas projekto partneriams skiriamas ERA–NET konsorciumo partnerių – finansuojančių institucijų (ministerijų, agentūrų ir kt.), Lietuvoje finansavimas skirtas iš Žemės ūkio ministerijos tarptautinių projektų programos lėšų.

Projektas buvo skirtas unikalių Europos žalųjų galvijų veislių genetinių charakteristikų identifikavimui ir veisimo programų kūrimui, užtikrinant šių veislių adaptaciją ateities poreikiams. Europos žalųjų pieninių galvijų veislės nors ir pasižymi unikalia genetinė įvairove, yra gerai prisitaikiusios prie įvairių vietinių ūkininkavimo sąlygų ir yra pranašesnės savo funkcinėmis savybėmis. Tačiau pastaruoju metu šios veislės keičiamos didesnio produktyvumo, bet mažiau prisitaikiusiomis veislėmis [12, 39, 47]. Todėl buvo parengtas projektas, skirtas išsaugoti ir efektyviai panaudoti unikalią Europos žalųjų galvijų veislių biologinę įvairovę.

Projekto metu buvo įvertinta Šiaurės Europos kilmės žalųjų galvijų populiacijų genetinė kilmė ir genomis giminingumas [13], taip pat atlikta išsami Europos žalųjų galvijų įvaisos ir kilmės analizė [39]. Pritaikius naujus skaičiavimo metodus buvo atliktas žalųjų galvijų funkcinių požymių ekonominės vertės vertinimas Lietuvoje, Vokietijoje ir Lenkijoje [29, 44, 48]. Taip pat atlikta pieninių galvijų fenotipinio vertinimo ir duomenų registravimo sistemos, taikomų Europos šalyse, išsami analizė [49]. Susisteminta fenotipinių duomenų vertinimo analizė patalpinta „Interbull“ centro duomenų bazėje.

1.4.1. Populiacijų genetinės struktūros analizė

Efektyvus populiacijos dydis. Genetinė įvairovė yra labai svarbi tiek ekonominiu, tiek aplinkosauginiu požiūriu, nes leidžia genetiškai pagerinti gyvūno produkcijos požymius [50, 51], o efektyvus populiacijos dydis (N_e) yra pagrindinis populiacijos genetinės struktūros rodiklis; jis turi svarbių pritaikymo būdų evoliucinėje biologijoje, išsaugojimo genetikoje ir augalų bei

gyvūnų veisime, nes matuoja genetinio dreifo ir giminystės greitį bei daro įtaką sisteminių evoliucinių jėgų, tokių kaip mutacija, atranka ir migracija, veiksmingumui [52]. Populiacijos genetikoje, siekiant išsaugojimo tikslų, genetinės įvairovės vertinimui taikomi įvairūs metodai, iš kurių vienas labiausiai paplitusių yra efektyvus populiacijos dydis (N_e), kurį pirmą kartą pateikė S. Wright'as 1931 m. [53]. Šis metodas leidžia nustatyti evoliucinius pokyčius, atsiradusius dėl atsitiktinio alelių dažnio kitimo populiacijoje (genų dreifo). Per daugelį metų pagrindinę efektyvaus populiacijos dydžio teoriją toliau plėtojo M. Kimura ir J. Crow [54], dar vėliau – Crow ir Denniston [55]; Caballero [56]; Wang ir Caballero [57]; Nomura [58], kurie pateikė skirtingus N_e apibrėžimus. Tačiau klasikinė efektyvaus populiacijos dydžio teorija grindžiama, remiantis genų dažnio variacijos (genetinio dreifo) kitimo greičiu arba įvaisos dažniu [52]. Efektyvus populiacijos dydis (N_e) apibrėžiamas atsižvelgiant į Wright–Fisher idealizuotą populiaciją, kur genų dreifas yra lygiavertis tam, koks yra matuojamas realioje populiacijoje [52]. Efektyvus populiacijos dydis (N_e) yra esminis parametras, skirtas genetinės įvairovės gyvulininkystės populiacijose vertinimui ir jų raidos per laiką stebėjimui. N_e ir jo tendencijos suteikia reikšmingą informaciją, leidžiančią stebėti genetinę įvairovę gyvulininkystės populiacijose, aiškinti pastebėtus genetinio kintamumo pokyčius ir prognozuoti genetinės įvairovės praradimą [59, 60]

Įvaisos rodiklis. Atvirų populiacijų genealoginė analizė, leidžianti re-produkcijai naudoti kitų veislių individus, turi specifinių savybių, dėl kurių sunku nustatyti realius analizuojamų gyvūnų genetinio kintamumo laipsnius [61]. Analizuojant populiacijas, kurios laikui bėgant gauna genetinį indėlį iš kitų populiacijų, reikia atsižvelgti į migracijos greitį, kad būtų galima įvertinti jų genetinį kintamumą, atsižvelgiant į giminumą ir efektyvų dydį [62]. Be to, atviros populiacijos veisimo strategijos įtaka genetiniam kintamumui negali būti tiesiogiai įvertinta vien skaičiuojant efektyvų populiacijos dydį, kadangi šis parametras yra paveiktas išorės populiacijų migracijos lygiu [63]. Šiame kontekste, norint nustatyti genetinės kilmės populiacijų įtaką pradininkų indėliui, būtina atlikti kilmės duomenų analizę, remiantis kilmės knygomis. Toks metodas užtikrina tikslesnį pradininkų identifikavimą [63].

Veislių, kurioms gresia išnykimas, išsaugojimas ilgą laiką buvo svarbus klausimas. Sekant konvencijos [64] įgyvendinimą, dėmesys išsaugojimui buvo išplėstas, apimant veislių vidinę įvairovę tiek mažose, tiek didelėse populiacijose, nors pastarosios nėra laikomos išnykimo pavojuje. Didelės populiacijos yra esminės mūsų maisto gamybos dalis, todėl bet koks jų būklės pablogėjimas galėtų sukelti išplėstinius neigiamus padarinius. Susirūpinimą kelia keleto genetiškai panašių patinų intensyvus naudojimas, kurį leidžia dirbtinis apvaisinimas, dėl to padidėja įvaisos lygis. Biologinės įvairovės valdymas mažose populiacijose yra kritiškai svarbus, tačiau dar didesnę reikšmę

įgyja didelių, pagrindinių populiacijų valdymas. Kadangi jos atsakingos už didelę mūsų maisto gamybos dalį, jų pablogėjimas turėtų platų neigiamą poveikį [65].

Nuo praėjusio amžiaus pirmosios pusės pieninių galvijų įvaisos laipsnis sulaukė nemažai dėmesio [66, 67]. Svarbu paminėti, kad populiacijos struktūra lemia giminingumo didėjimą [68], o veisiant mažas populiacijas, giminingumas yra labai reikšmingas [69, 70]. Šiuolaikinių pieninių galvijų giminingų veislių koncentracija ir genetinės įvairovės nykimas yra potenciali problema [67]. Mažose populiacijose viena didžiausių problemų yra įvaisos didėjimas, kurio įvertinimas yra sunkus ir kartais nepatikimas dėl trūkstamų kilmės duomenų [71].

Kadangi eilę metų Lietuvos žalųjų ir žalmargių populiacija gerinama įvairiomis užsienio žalųjų veislėmis, tai skatino mus išsamiau apžvelgti užsienio šaltinius, norint giliau suprasti, kaip ši genetinė medžiaga galėjo paveikti dabartinę populiaciją bei genetinės įvairovės aspektus tarptautiniame kontekste.

Sørenseno ir kt. [68] tyrimas atskleidė, kad Danijos pieninių veislių genetinė įvairovė mažėja dėl didėjančio giminytės lygio, kuris per kartą padidėjo nuo 0,9 iki 1,1 proc. Ypač pažymėtina, kad Danijos holšteinų ir Džersio veislių genų fondas yra kilęs iš santykinai nedidelio individų skaičiaus, o Danijos žalųjų veislėje pastebimas tik nedidelis genetinės įvairovės padidėjimas, nepaisant taip pat didėjančio giminytės lygio.

Nyman S. [39] ir bendra autoriai atliko išsamų Europos žalųjų veislių galvijų genetinės įvairovės tyrimą, remdamiesi aštuonių Europos šalių – Lietuvos, Latvijos, Nyderlandų, Danijos, Švedijos, Suomijos, Vokietijos ir Lenkijos – galvijų kilmės duomenimis. Analizuotos duomenų bazės apimtis siekė 9 073 403 unikalius gyvūnus, iš kurių 648 167 buvo iš Lietuvos. Tyrime žalieji pieniniai galvijai, apimantys įvairias veisles tokias kaip Lietuvos, Švedijos, Danijos, Suomijos, Lenkijos, Norvegijos, Latvijos žalieji ir airšyrai, kurie buvo analizuojami, lyginant juos su kitomis veislėmis. Veislių tarpusavio genų dreifo analizė atskleidė, kad žalųjų pieninių galvijų veislėje daugiau nei 97 proc. tėvų ir daugiau nei 91 proc. motinų buvo tos pačios veislės kaip ir jų palikuonys, o žalųjų pieninių galvijų tėvai ir motinos buvo plačiausiai naudojami kaip tėvai anglerų veislės (77 proc. ir 32 proc.) populiacijose. Be to, atliktas tyrimas parodė, kad veislininkystės organizacijos veisimui naudojo bulius iš kitų šalių. Vokietijoje, Nyderlanduose, Norvegijoje ir Lenkijoje daugiau nei 93 proc. galvijų gimė iš vietos tėvų. Švedijoje, Danijoje ir Suomijoje šis skaičius buvo tarp 68 ir 76 procentų. Tuo tarpu Lietuvoje – tik 52 proc., o Latvijoje – vos 28 proc. galvijų gimė iš šalies viduje gimusių tėvų, dėl intensyvaus kitų šalių bulių naudojimo [39].

1.4.2. Genetiniai tyrimai galvijininkystėje

Genetinės įvairovės, kurią formuoja evoliuciniai procesai, tokie kaip genetinis dreifas, migracija, selekcija ir geografinis atsiskyrimas [44], stebėseną yra būtina bioįvairovės išsaugojimo programų sudedamoji dalis. Visi šie formuojamieji veiksniai paliko pėdsakų naminių gyvulių rūšių genome [72]. 2003 metais, vadovaujant JAV mokslininkams Richardui Gibbsui ir George'ui Weinstock'ui, buvo pradėtas galvijų genomo sekos nuskaitymas. Pirmoji galvijų genomo seka buvo nuskaityta iš DNR, išskirtos iš herefordų veislės karvės. Tuo pačiu būdu galvijų genomo seka iš dalies buvo nuskaityta dar šešioms karvių veislėms: holšteinų, angusų, džersių, limuzinų, Norvegijos žaliųjų ir brahmanų [73]. Buvo atrasta 37 470 vieno nukleotido polimorfizmų. Sujungus šiuos duomenis su visiškai nuskaitytu herefordų veislės karvės genomu, buvo gautas komercinėse veisimo programose vertingas genetinių požymių pagrindas, skirtas selekcijai pagal genetinius žymenis bei genominei selekcijai [74]. 2007 metais galvijininkystėje pradėtas naudoti komercinis BeadChip 50K SNP tyrimas (Illumina, JAV). Genomo žymonių (vieno nukleotido polimorfizmų, SNP) mikroschemų sukūrimas leidžia patikimai apibūdinti galvijų veislių genetinę įvairovę ir populiacijos struktūrą. Be to, didėjantis genominių įrankių prieinamumas suteikia galimybę molekuliniais pagrindais iširti gyvulių populiacijų genų srautą ir genetinį ryšį. Taip gaunama vertingų įžvalgų apie istorines veisimo strategijas. Kartu tokia informacija padeda gerinti dabartinių veislių genetinį valdymą [13]. Anot Dawido W. Burto [75], galvijų genomo skenavimo projektas buvo genetikos ir genomikos pagrindas artimiausiems dvidešimčiai metų. Lyginant tradicinę selekciją (pagal kilmę ir fenotipą) su genomine, pastarosios pranašumas yra tas, kad ji leidžia jau ankstyvajame amžiuje tiksliai atrinkti norimus bruožus, remiantis genomine prognozėmis ir atsižvelgiant į požymius, kuriuos sunku arba brangu išmatuoti: vaisingumą, atsparumą ligoms, metano emisiją ir pašaro efektyvumą, ir kita. Pieninėje galvijininkystėje buliai tradiciškai yra atrenkami pagal palikuonių tyrimus, kadangi jų genetinis pranašumas pieno gamyboje gali būti tiksliai įvertintas tik remiantis jų dukterų pieno gamybą. Palikuonių tyrimai leidžia atlikti tikslią atranką, bet kartos intervalai trunka 5 metus ar ilgiau. Pagal genetinę selekciją kartų intervalas gali būti sumažintas iki 2 metų, potencialiai gaunant 60–120 proc. genetinę naudą [73].

Genominės selekcijos metodą rekomenduojama taikyti ne tik atskiroms galvijų bandoms, jis tinka ir visoms pieninių galvijų veislių selekcijos programoms, nes kiekvieno gyvūno genomine informacija yra vertinama, remiantis tarptautiniais duomenimis, suteikiant galimybę įvertinti veislės vertę tarptautiniu mastu bei dalyvauti tarptautinėse pienininių galvijų veisimo programose [76, 77].

Per pastarąjį dešimtmetį atlikta daugybė genetinių tyrimų, analizuojant Europos Žaluosius galvijus, kurie atskleidė įdomių genetinių sąsajų ir įvairovės. Slagboom M. ir kiti [45] atliko analizę, kaip išsaugoti vietines žalujų galvijų veisles, įskaitant Vokietijos ir Lietuvos žaluosius galvijus, ir naudojant pagrindinę žalujų pieninių galvijų veislę, apimančią Danijos, Suomijos ir Švedijos žaluosius. Šiame tyrime buvo nagrinėjamos vietinių ir pagrindinių žalujų galvijų veislių bendradarbiavimo galimybės, siekiant didinti vietinių veislių naudojimą ir geriau išsaugoti genetinę įvairovę. Simuliacijos parodė, kad net ir taikant griežtą atranką, per dešimtmetį vietinių veislių dalis mažėja dėl genomų selekcijos. Taigi, norint išsaugoti vietines veisles, reikia taikyti trumpesnį laikotarpio atrankos strategijas arba ieškoti alternatyvų, pavyzdžiui, atrinkti gyvulius pagal užsienio veislių dalis ar taikyti optimalaus indėlio atranką [45].

Joana Stock ir kt. [78] tyrime buvo nagrinėjama, kaip genomų rotacinis kryžminimas tarp aukšto produktyvumo Vokietijos holšteinų veislės ir mažesnės Vokietijos anglerų veislės gali padėti išsaugoti vietines veisles, mažinant svetimų genų įtaką ir išnaudojant heterozės efektus. Taikant optimalaus prisidėjimo selekcijos metodus, buvo bandoma kontroliuoti įvaisos lygį, kartu mažinant holšteinų galvijų veislės genų įliejimą į anglerų galvijų veislę. Tyrimas parodė, kad nors kryžminimas gali sukurti pranašesnius palikuonis ir sumažinti įvaisos didėjimą, bandymas mažinti holšteinų genų įtaką anglerų veislėje, kartu ribojant vietinės giminytės didėjimą, buvo sudėtingas ir ne tiek efektyvus, kaip tikėtasi. Tai lėmė didelę genetinę įvairovę, bet mažą genetinį augimą ir nepastovius heterozės efektus.

T. Szmatoła [79] išanalizavo Lenkijos žalujų galvijų, dalyvaujančių dviejose veisimo programose – veislės gerinimo ir genetinių išteklių išsaugojimo populiacijas. Gerinimo programos tikslas – genetinį progresą pieno gamyboje ir kūno konstitucijoje, o išsaugojimo – Lenkijos žalujų genetinių išteklių apsauga ir pradinės genų bazės išlikimas. Laikui bėgant, šios populiacijos išsiskyrė su akivaizdžiais pieno produktyvumo ir eksterjero patobulinimais veislės gerinimo programoje. Mažas genetinio diferencijavimo lygis tarp jų patvirtina bendrą kilmę, o pagrindinių komponentų analizė parodė diferenciacijos ženklus, su dalimi vis dar genetiškai artimų individų. Gerinamoji populiacija pasižymėjo skirtingu praeityje vykusio kryžminimo lygiu, o tai parodė alelių dažnio skirtumus dėl atrankos pieno savybėms [79].

Švedijos mokslininkai Eriksson, Strandber ir Johansson [80] nustatė, kad Švedijos holšteinų (ŠH) buliai ilgainiui pasižymėjo didesniu vidutiniu įvaisos lygiu nei Švedijos žalujų (ŠŽ) veislės buliai, ypač po 1999–ųjų. 2015–2020 metų gimimo grupėje vidutinis įvaisos koeficientas, remiantis homozigotiškumo sekų analize, buvo 5,9 proc. ŠH ir 3,7 proc. ŠŽ veislėje. Nors abiejų veislių įvaisos koeficientai iš pradžių mažėjo, vėliau ŠH veislėje jie vėl

pradėjo didėti, o ŠŽ veislėje išliko stabilūs. Šie rezultatai parodė būtinybę atsižvelgti į įvairovę ir homozigotiškumo lygių pokyčius, planuojant būsimas veisimo strategijas, ypač ŠH veislėje.

1.5. Pieninių galvijų funkcinių požymių ekonominės vertės

Šiuolaikinė veislininkystė sėkmingai didina pieninių galvijų produktyvumo lygį, tačiau pieno produkcijos iš vienos karvės didėjimas, deja, susijęs ir su nepageidaujamu šalutiniu reiškiniu – ligų ir reprodukcinų problemų skaičiaus augimu [81]. Winding ir kt. [82], pažymėjo, kad ūkio valdymas ir genetinis poveikis yra vertinami atskirai, tačiau genetiniai duomenys, pavyzdžiui, genetinės koreliacijos tarp produkcijos ir sveikatos, gali kisti priklausomai nuo aplinkos. Norint išvengti požymių blogėjimo, produkcijos ir funkcines savybes reikia gerinti palaipsniui, išlaikant pusiausvyrą [83]. Paprastai apskaičiuotos įvairių požymių veislinės vertės sujungiamos į bendrąjį veislinį indeksą [84, 85]. Šis indeksas rodo pieno primilžį ir keletą funkcinių požymių, tokių kaip veršiavimosi lengvumas, vaisingumas, ligos ir ilgaamžiškumas [83]. Funkcinių savybių terminas apibūdina gyvulių požymius, kurių poveikis karvių ekonominiam efektyvumui pasireiškia išlaidų mažinimu, o ne produktų gamybos didinimu. Siekdami pagerinti bandos pelningumą, augintojai vis labiau domisi tokiomis funkcinėmis savybėmis, kaip reprodukcija, ilgaamžiškumas ir sveikata.

Pastaruoju metu pieninių galvijų veisimo tikslai dažniau siejami su tiesioginiais sveikatos rodikliais o ne su gryna finansine nauda [86, 87]. Pieninių galvijų veislininkystėje lemiamas veiksnys paprastai yra ekonominė vertė (EV), gaunama pasitelkus pieninių galvijų bandos gamybos sistemos modelį [88]. Wolfová ir Wolf [89] pažymėjo, kad apskaičiuojant EV, svarbu tiksliai apibrėžti nagrinėjamus požymius, atsižvelgti į dominančio požymio ir kitų požymių sąsajas bei tinkamai jas įvertinti. Kitas aspektas – dvigubo skaičiavimo problema, kai EV apskaičiuojama taikant modelius, į kuriuos įtraukiamos koreliacijos tarp požymių. Østergaard ir kt. [88] siūlo sprendimą, padedantį koreguoti apskaičiuotas veislinių požymių EV, naudojant daugialypę regresijos analizę su tarpiniais kintamaisiais. Tai leidžia pašalinti ekonominį poveikį, kurį nulemia modeliuojamų požymių koreliacijos, ir taip išvengti dvigubo skaičiavimo. Schmidtman ir kt. [44] apibrėžė EV kaip ribinį požymio naudingumą, atspindintį kiekvieno požymio svarbą pieninių galvijų veisimo tikluose ir poveikį finansiniam pelniui, išlaikant visus kitus požymius pastovius.

Kalbant apie bandos valdymo ir bandos sveikatinimo vaidmenį pieninių galvijų veisime, reikia atsižvelgti į tai, kad šių rodiklių reikšmė nuolat didėja. Be to, reikia įveikti iššūkius, susijusius su aukšto produktyvumo ir reprodukcinų rodiklių pusiausvyra bei gyvulių sveikatos išlaikymu per visą jų gyve-

nimo trukmę. Pavyzdžiui, ketozė yra dažna aukšto produktyvumo melžiamų karvių liga ankstyvosios laktacijos laikotarpiu, lemianti dideles ekonomines išlaidas [44]. Juozaitienė ir kt. [90], analizuodami Lietuvos juodmargių karvių veršiamosios lengvumą, nustatė, kad 34,71 proc. gyvulių prireikė pagalbos veršiuojantis, o 3,11 proc. karvių veršiamosios atvejų buvo įvertinti kaip sunkūs arba labai sunkūs. Enting ir kt. [91] nustatė, jog vidutiniai ekonominiai nuostoliai Olandijos pienininkystės ūkiuose, atsiradę dėl klinikinių skaitmenizuotų ligų, tenkančių vienai šlubuojančiai karvei, sudarė vidutiniškai 21 proc. sergamumo per metus. Taigi, pieninių karvių bandos pelningumo mažėjimas tiesiogiai siejasi su išlaidomis sveikatos priežiūrai ir vaisingumui, kurios taip pat yra pagrindinė priverstinio karvių skerdimo priežastis.

Lietuvoje tiesioginiai sveikatos požymiai dar nėra oficialiai įtraukti į nacionalinę genetinio vertinimo sistemą. Mūsų šalyje pieninių galvijų bendrą įvertinimo indeksą sudaro šios grupės: produktyvumas, eksterjeras, somatinių ląstelių skaičius, vaisingumas ir ilgaamžiškumas. Vis dėlto pastebima, kad funkciniais požymiais gerinti pieninių galvijų veislininkystėje skiriama vis daugiau dėmesio.

2. DARBO METODIKA

Mokslinis – tiriamasis darbas buvo atliekamas 2019–2024 metais Lietuvos sveikatos mokslų universiteto Gyvulininkystės institute. Tiriomojo darbo schema pateikta 2.1 pav.

Tyrimo pavadinimas	Tyrimo objektas	
1. Galvijų kilmės analizė	1.1	Atvira Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽAP) n = 313214
	1.2	Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽSG)
		Pagr. ir papild. KK sk. galvijai (LŽSG_PKKirP) n = 1266 Pagr. KK skyr. galvijai (LŽSG_PKK) n = 974
	1.3	Atvira Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽAP) n = 301083
1.4	Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽSG) n = 595	
2. Fenotipinių duomenų analizė Produktyvumas (P), Eksterjeras (E)	2.1	Atvira Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (P) n = 84435, (E) n = 21332;
	2.2	Šiuo metu veisiama LŽAP populiacija (P) n = 9947, (E) = 21332
	2.3	Šiuo metu veisiama LŽAP populiacija (E) n = 8392
	2.4	Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽSG) (P) n = 181, (E) = 126
3. Genetinės vertės nustatymo metodikų analizė	3.1	Lietuvos pieniniai galvijai
	3.2	Kitų šalių pieniniai galvijai (Norvegija, Danija, Švedija, Suomija, Estija, Lenkija, Latvija, Olandija, Belgija, Vokietija)
4. Genetiniai tyrimai Imunogenetiniai (I), Pavienių nukleotidų polimorfizmo nustatymas (SNP)	4.1	Atvira Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽAP) (I) n = 99, (SNP) n = 290
	4.2	Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽSG) (I) n = 93, (SNP) n = 10
5. Funkcinių požymių ekonominių verčių vertinimas	5.1	Atvira Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽAP)
	5.2	Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (LŽSG)

2.1 pav. Tiriamojo darbo schema

Tyrimai buvo atlikti pagal tiriamojo darbo schemą: galvijų kilmės analizė, fenotipinių duomenų analizė, genetinio įvertinimo metodikų duomenų rinkimas, genetiniai tyrimai ir funkcinių požymių ekonominių verčių vertinimas.

2.1. Galvijų kilmės analizė

Naudojant Vokietijos žemės ūkio gyvūnų genetikos instituto parengtą statistinę programą „PopReport“ [65], buvo atlikta Lietuvos žалуjų galvijų (LŽAP) ir Lietuvos juodmargių galvijų (LJAP) atvirų populiacijų bei senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG_PKKirP) ir Lietuvos juodmargių (LJSG_PKKirP) galvijų populiacijų kilmės analizė. Šios populiacijos yra įrašytos į pagrindinį ir papildomą kilmės knygos (KK) skyrius.

Siekiant geriau suprasti saugomas senojo genotipo populiacijas ir išvengti atsitiktinės kitų veislių įtakos, buvo išskirtos atskiros populiacijos, kurias sudarė pagrindinio kilmės knygos skyriaus gyvūnai, turintys tos pačios veislės tėvus (LŽSG_PKK; LJSG_PKK).

Analizei atlikti buvo atrinkti analizuojamų populiacijų VĮ „Žemės ūkio duomenų centras“ duomenų bazėje esančių karvių, telyčių ir bulių kilmės duomenys: gyvulio ID, tėvo ID, motinos ID, gimimo data, lytis. Analizės metu buvo atlikta klaidų korekcija. Iš analizuojamų duomenų buvo pašalinti neteisingi įrašai, kurių tėvų arba motinų gimimo datos įvestos vėlesnės negu gautų jų palikuonių. Pašalinti dublikatai. 2.1.1 lentelėje pateikta analizei naudotų duomenų informacija.

2.1.1 lentelė. Genealoginių duomenų suvestinė

Populiacijos	Tiriamųjų skaičius, vnt.	Tiriamųjų gimimo metų intervalai
Atvira Lietuvos žalujų galvijų populiacija (LŽAP)	313214	1946–2021
Senojo genotipo pagrindinio ir papildomo KK skyrių Lietuvos žalujų galvijų populiacija (LŽSG_PKKirP)	1266	1959–2022
Senojo genotipo pagrindinio KK skyriaus Lietuvos žalujų galvijų populiacija (LŽSG_PKK)	974	1959–2021
Atvira Lietuvos juodmargių galvijų populiacija (LJAP)	354201	1944–2021
Senojo genotipo pagrindinio ir papildomo KK skyrių Lietuvos juodmargių galvijų populiacija (LJSG_PKKirP)	9058	1961–2022
Senojo genotipo pagrindinio KK skyriaus Lietuvos juodmargių galvijų populiacija (LJSG_PKK)	5260	1961–2022

Kilmės užbaigtumas buvo nustatytas pagal Maccluer ir kt. [92] pasiūlytą indeksą, kuris nustato žinomų protėvių proporcijas kilmėje ir kartu sudaro galimybę įvertinti įvairią [68]. Vietinių gyvūnų veislių populiacijos kilmės užbaigtumo duomenys buvo paskaičiuoti pagal Maccluer formules:

$$I_d = \frac{4I_{dpat} \times I_{dmat}}{I_{dpat} + I_{dmat}} \quad \text{ir} \quad I_{dk} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i,$$

kur k reiškia individo tėvo (*pat*) arba motinos (*mat*) liniją;

a_i – žinomų protėvių dalis i kartoje; d – kartų skaičius, į kurį atsižvelgiama apskaičiuojant kilmės išsamumą.

Kilmės užbaigtumo reikšmės svyruoja nuo 0 iki 1. Jei žinomi visi individo protėviai iki tam tikros nurodytos kartos (d), tada $I_d = 1$ arba jei vienas iš tėvų (t. y. tėvas ar motina) nežinomas, $I_d = 0$.

Veisimo intensyvumo ir progreso įvertimui, buvo nustatoma populiacijų struktūra pagal veisimui naudotų patinų ir patelių skaičių, atsižvelgiant į reprodukcijos amžių bei kartų intervalą. Vidutinis panaudotų veisimui patinų ir patelių pasiskirstymas pagal amžių buvo analizuojamas pagal palikuonių gimimo metus, imant tėvų (patinų ir patelių atskirai) amžiaus vidurkį.

Kartų intervalas yra vienas iš svarbiausių faktorių, kuris daro įtaką genetinei gyvūnų populiacijos struktūrai: kuo trumpesnis intervalas, tuo greitesni pokyčiai populiacijoje. Kartų intervalas skaičiuojamas pagal vidutinį tėvų amžių gimus palikuoniui, kuris buvo panaudotas sekančiai kartai gauti [62]. Vidutinis kartų intervalas populiacijoje apskaičiuojamas, imant kiekvieno tėvo amžių gimstant jo palikuoniui ir apskaičiuojant vidurkį tarp visų tėvų amžių. Skaičiuojant kartų intervalą, palikuonis laikomas pasirinktu, jei jis turėjo bent vieną palikuonį. Patinų ir patelių kartų intervalai buvo apskaičiuoti kiekvienai populiacijai.

Populiacijų pradininkų skaičiaus analizė yra esminė dalis nagrinėjant gyvūnų veisimo sistemas. Ši analizė orientuojasi į populiacijų istoriją ir genetinę įvairovę. Analizuojamas laikotarpis buvo išskirstytas į tam tikrus periodus, kad būtų galima stebėti pradininkų skaičiaus pokyčius per tam tikrą laiką. Atliekant analizę, buvo išskirti pradininkai su žinomais ir nežinomais tėvais. Tai leido suprasti, kiek populiacijose yra pradininkų, kurių kilmė yra visiškai žinoma, ir kiek jų kilmė lieka nežinoma. Atsižvelgiant į lyties aspektą, buvo analizuojamas veisimui naudotų patelių ir patinų skaičius, leidžiantis identifikuoti lyčių santykių pokyčius populiacijose ir įvertinti jų gyvybingumą. Populiacijų pradininkų pagal lytį skaičiaus analizė buvo atlikta, atsižvelgiant į pirmos kartos kilmės duomenis, kur N_1 – pradininkai, abu tėvai nežinomi, N_2 – pradininkai, kurių žinomi tik patelės tėvai ir N_3 – pradininkai, kurių žinomi tik patino tėvai.

Tyrimo metu buvo apskaičiuotas giminingo poravimo būdu gautų gyvūnų paplitimas per atskirus metus, įvaisos laipsnis ir koeficientas. Įvaisos laipsnio nustatymui duomenys buvo suskirstyti į 11 klasių, kiekvienos klasės intervalas yra 5 proc. Į paskutinę, 11 klasę buvo įtraukti visi gyvūnai, kurių įvaisos laipsnis >50 proc. Taip pat tyrimo metu buvo analizuojamas bendras gyvūnų su įvaisa skaičius ir jų įvaisos laipsnis atskirais metais, visų ir su įvaisa gyvulių skaičius (patinų, patelių per metus).

Taip pat buvo atlikta populiacijų su įvaisa gyvulių įvaisos koeficiento analizė pamečiui.

Įvaisos koeficientas apskaičiuotas pagal S. Wright'o formulę [93, 94]:

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+n'+1} (1 + F_a) \right],$$

kur F_x yra atitinkamo gyvūno giminystės koeficientas;

n ir n' reiškia kartų skaičių tarp patino ir patelės ir jų bendrų protėvių;

F_a – protėvio giminystės koeficientas, bendras ir patinui, ir patelei.

Įvaisos duomenų analizė buvo atliekama pagal bendrą galvijų su įvaisa skaičių ir jų įvaisos laipsnį atskirais gimusio prieauglio metais.

Pridėtinio genetinio ryšio tarp atskirų individų vidurkis grupėje (konkrečiais metais gimusių gyvūnų) apskaičiuotas kaip palikuonių iš visų galimų poravimų inbrydingo vidurkis. Pridėtinio genetinio ryšio laipsnio išraiška (Δf) buvo nustatyta naudojant formulę:

$$\Delta f = \frac{f_t - f_{t-1}}{1 - f_{t-1}},$$

kur, f_t ir f_{t-1} – pridėtinio genetinio ryšio vienos kartos grupėje; t – ankstesnės kartos pridėtinis genetinis ryšys.

Populiacijos efektyvumo rodiklis (Ne) rodo populiacijos genetinę įvairovę ir todėl yra laikomas labai svarbiu nykstančių gyvūnų veisimo strategijoje [58]. Efektyvus populiacijos dydis prilyginamas individų skaičiui, kuris didėja, nustačius įvaisą populiacijoje pagal Falconer ir Mackay [62]. Efektyvus populiacijos dydis (Ne) buvo apskaičiuotas remiantis 2 metodais, pagal įvaisos laipsnį ir pagal tėvų skaičių:

$Ne-\Delta F$ (pagal įvaisos laipsnį):

$$Ne = \frac{1}{2} \times \Delta F$$

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}},$$

kur $F_t = \odot$ vidutinis palikuonių įvaisos koeficientas,

$F_{t-1} = \odot$ vidutinis tėvų įvaisos koeficientas [62].

Ne-Cens (pagal tėvų skaičių):

$$Ne = \frac{4N_m \times N_f}{N_m + N_f} \times 0,7,$$

kur N_m = veisiamų patinų skaičius, N_f = veisiamų patelių skaičius [94].

Tam, kad įvertintume vyraujančio kraujo dalį populiacijose, buvo atlikta Lietuvos žalųjų galvijų (atviros ir senojo genotipo) populiacijų kilmės duomenų analizė pagal kraujo laipsnį. Kraujo laipsnio apskaičiavimą atlieka ir duomenis skelbia VĮ „Žemės ūkio duomenų centras“. Veislės kraujo laipsnis yra apskaičiuojamas atsižvelgiant į visą GYVIS (gyvulių veislininkystės informacinė sistema) esančią kilmės informaciją ir skelbiamas procentais visų galvijų, esančių ŽŪDC ŪGR (ūkinių gyvūnų registre).

Analizei atlikti Lietuvos žalųjų galvijų atvira populiacija ($n = 301\,083$ vnt., iš kurių pagrindiniame KK skyriuje $161\,023$ vnt., o papildomame – $140\,060$ vnt.) buvo suskirstyta į dvi pagrindines grupes pagal gimimo laikotarpį: pirmoji grupė apima galvijus, gimusius iki 2010 metų, o antroji – galvijus, gimusius nuo 2011 metų. Kadangi 2011 metais buvo patvirtinta nauja Lietuvos žalųjų ir jiems gerinti naudojamų kitų veislių galvijų populiacijos selekcijos programa [95]. Kiekviena grupė dar buvo padalinta į dvi subgrupes pagal vyraujančio veislės kraujo laipsnio dalį: vienoje subgrupėje – galvijai su 25–50 proc. vyraujančio kraujo laipsnio dalimi (25–50 proc. genotipas), kitoje – galvijai su didesne nei 50 proc. kraujo laipsnio dalimi (≥ 50 proc. genotipas).

Senajo genotipo Lietuvos žalieji galvijai ($n = 595$ vnt., iš kurių pagrindiniame KK skyriuje – 530 vnt., o papildomame – 65 vnt.) buvo suskirstyti į dvi grupes pagal vyraujančio veislės kraujo laipsnio dalį: vienoje grupėje – galvijai su 25–50 proc. kraujo laipsnio dalimi (25–50 proc. genotipas), kitoje – galvijai su didesne nei 50 proc. kraujo laipsnio dalimi (≥ 50 proc. genotipas).

2.2. Fenotipinių duomenų analizė

2.2.1. Pieno produktyvumo rodiklių analizė

Lietuvos žalųjų galvijų abiejų populiacijų (senajo genotipo ir atviros) pieno produktyvumo per 305 laktacijos dienas duomenų analizė buvo atliekama, įvertinant gautus duomenis iš VĮ „Žemės ūkio duomenų centras“ duomenų bazės.

Produktyvumo analizei Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos karvių ($n = 84\,444$) grupės ir subgrupės sudarytos analogiška tvarka kaip ir populiacijų kilmės duomenų analizėje pagal kraujo laipsnį.

Šiuo metu veisiamos atviros Lietuvos žalųjų galvijų populiacijos karvės ($n = 9947$) ir senojo genotipo Lietuvos žaliosios karvės ($n = 181$) buvo suskirstytos į dvi grupes pagal vyraujančio veislės kraujo laipsnio dalį: vienoje

grupėje – karvės su 25–50 proc. kraujo laipsnio dalimi (25–50 proc. genotipas), kitoje – karvės su didesne nei 50 proc. kraujo laipsnio dalimi (≥ 50 proc. genotipas).

2.2.2. Eksterjero savybių analizė

Buvo įvertinti abiejų populiacijų eksterjero duomenys, gauti iš VI „Žemės ūkio duomenų centras“ duomenų bazės. Eksterjero vertinimo skalės ir kitos metodikos nuostatos buvo unifikotos pagal ICAR reikalavimus (<https://www.e-tar.lt/rs/legalact/TAR.83EC496361A6/>).

Karvių eksterjero požymiai yra klasifikuojami į tris pagrindines grupes:

Kūno bendro išsivystymo požymiai: į šią grupę įeina aukštis, krūtinės plotis, kūno gylis, pieninis tipas, imitimas, užpakalio plotis bei užpakalio kampas. Tyrimo metu buvo analizuoti šie požymiai: aukštis, kūno gylis ir užpakalio kampas.

Galūnių požymiai: ši grupė apima užpakalinių kojų formą, užpakalinių kojų pastatymo kampą, kulno sąnarį, nagų aukštį (pėdos kampą) ir eisena. Šiame tyrime buvo analizuoti užpakalinių kojų forma, užpakalinių kojų kampas ir kulno sąnarys.

Tešmens požymiai: tešmens priekinės dalies prisitvirtinimas, priekinių ir užpakalinių spenių išsidėstymas, spenių ilgis ir storis, tešmens gylis, tešmens užpakalinės dalies aukštis ir tešmens raiščio tvirtumas. Tyrimo metu buvo išanalizuoti spenių ilgis, spenių storis ir tešmens užpakalinės dalies aukštis.

Išsamesnei eksterjero analizei atlikti grupės buvo sudarytos analogiška tvarka kaip ir produktyvumo analizėje: Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos ($n = 41\,506$), šiuo metu veisiamos Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos ($n = 8392$) ir senojo genotipo Lietuvos žalosios ($n = 126$).

Norint detaliau išnagrinėti šiuo metu veisiamos Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos veislinių savybių pasiskirstymą, buvo atlikta eksterjero rodiklių analizė, atsižvelgiant į įvertinimo balus ir karvių skaičiaus pasiskirstymą, išskiriant 25–50 proc. genotipą ($n = 2417$) ir ≥ 50 proc. genotipą ($n = 5975$), pažymint optimalų vertinimo balą. Buvo analizuojami kūno bendrojo išsivystymo požymiai (kūno gylis, užpakalio kampas), galūnių požymiai (užpakalinių kojų forma, užpakalinių kojų kampas, kulno sąnarys) ir tešmens požymiai (spenių ilgis, spenių storis, tešmens užpakalinės dalies aukštis).

2.3. Genetinės vertės nustatymo metodikų analizė

Atliekant žalųjų galvijų fenotipinio vertinimo ir duomenų registravimo sistemų analizę įvairiose šalyse, buvo naudojami „Interbull“ duomenų bazės duomenys ir anketos. Siekiant sužinoti ir apibendrinti duomenis apie tai, ko-

kie fenotipiniai požymiai ir kaip bei kada jie yra vertinami skirtingose šalyse, buvo parengta anketa ir išsiųsta ReDiverse projekto partnerių – šalių veisimo organizacijoms, ir tuo būdu gauta trūkstama informacija, kuri nebuvo pateikta „Interbull“ duomenų bazėje. Buvo gautos anketos iš Olandijos, Belgijos, Lietuvos, Latvijos, Lenkijos. Remiantis šiomis anketomis ir tarptautinėje „Interbull“ duomenų bazėje pateikta informacija, buvo atlikta išsami pieninių galvijų fenotipinio vertinimo ir duomenų registravimo sistemų analizė. 2.3.1 lentelėje pateikiami susisteminti šaltiniai, naudoti analizei, – „Interbull“ duomenų bazė arba anketos.

2.3.1 lentelė. „Interbull“ dalyvaujančių šalių informacija

Šalis	Produkcija	Eksterjeras	Tešmens sveikata	Ilgaamžiškumas	Veršiavimasis	Vaisingumas	Darbinumas
Norvegija	Interbull, 2019	Interbull, 2019	Interbull, 2019	Interbull, 2019	Interbull, 2020	Interbull, 2019	Interbull, 2019
Danija Švedija Suomija	Interbull, 2017	Interbull, 2016	Interbull, 2014	Interbull, 2010	Interbull, 2016	Interbull, 2016	Interbull, 2014
Estija	Interbull, 2017	Interbull, 2017	Interbull, 2017	–	–	–	–
Lenkija	Interbull, 2020	Anketa, 2019 Interbull, 2020	Interbull, 2020	–	–	Interbull, 2020	–
Latvija	Interbull, 2010	Anketa, 2019	Interbull, 2010	–	–	–	–
Lietuva	Interbull, 2013	Anketa, 2019	Interbull, 2013	–	–	–	–
Olandija Belgija	Interbull, 2017	Anketa, 2019	Interbull, 2017	Interbull, 2018	Interbull, 2010	Interbull, 2015	Interbull, 2016
Vokietija	Interbull, 2019	Interbull, 2015	Interbull, 2015	Interbull, 2020	Interbull, 2018	Interbull, 2018	Interbull, 2016

Matome, kad ne visos šalys oficialiai skelbia savo įprastinio vertinimo duomenis „Interbull“ duomenų bazėje ir ne visos šalys dalyvauja „Interbull“ vertinimuose, registruojant visus galimus fenotipinius požymius ir visas veisles. Dažnai nauji nacionaliniai vertinimo centrai pradžioje pateikia daugelio populiacijų (veislių) produktyvumo savybių duomenis, o vėliau įtraukia naujus požymius ir veisles pagal „Interbull“ tvarkas. Naujų duomenų pateikimas privalo būti įvertintas, kad būtų galima juos įtraukti į duomenų bazę ir oficialiai paskelbti. Vertinimo metu reikia atlikti keturis pagrindinius veiksmus. Nacionalinės GE formos yra atnaujinamos po kiekvieno įprastinio vertinimo.

2.4. Genetiniai tyrimai

2.4.1. Imunogenetinių tyrimų analizė

Galvijų kraujo pavyzdžiai buvo tiriami LSMU Gyvulininkystės instituto Genetinių tyrimų laboratorijoje. Analizuojami buvo rutininio kilmės patikrinimo metu surinkti duomenys. Atliktų tyrimų duomenys buvo analizuojami pagal 9 tarptautines genetines sistemas EAA, EAB, EAC, EAF, EAJ, EAM, EAS, EAZ (EA – eritrocitų antigenai), patvirtintas ISAG. Testuoti 52 aleliai.

Tarpveislinė genetinė analizė, remiantis imunogenetiniais duomenimis, buvo atlikta dviems populiacijoms: LŽ galvijų atviroje (palikuonys gimę 2005–2013 metais; $n = 99$) ir senojo genotipo, kuri padalinta į dvi subpopuliacijas: Skaistgirio ŽŪB populiacija (palikuonys gimę 1996–2007 metais; $n = 61$) ir LSMU Gyvulininkystės instituto populiacija (palikuonys gimę 2010–2022 metais; $n = 32$).

Gautų duomenų analizė buvo atliekama pagal genetiškai informatyviausias EAB ir EAC genetines sistemas, lyginant grynaveislius galvijus:

1. Apskaičiuotas alelių skaičius, efektyvių alelių skaičius, tikėtinas ir stebimas heterozigotiškumas genetinei įvairovei lokusuose nustatyti.
2. Atliktas Chikvadrato (χ^2) testas, pagal kurį nustatytos reikšmingumo vertės HardyWeinber pusiausvyrai (*HWE*).
3. Apskaičiuojant alelių dažnius, alelių skaičių, tikėtiną ir stebimą heterozigotiškumą, buvo vertinta populiacijų genetinė įvairovė, taip pat nustatytas *HWE* patikimumas.
4. Įvertinant santykius tarp grupių, nustatytos *Nei* genetinės distancijos [96] ir *Fst* reikšmės [97], kurios išreiškia bendrą genetinės įvairovės proporciją (panašumą) tarp tiriamųjų.
5. Taip pat buvo atliktas individų priskyrimo populiacijai testas pagal Paetkau ir kt. [98].

2.4.2. Pavienių nukleotidų polimorfizmo nustatymas

Genetiniai tyrimai buvo atlikti tarptautinio projekto „Europos žaliųjų pienuose galvijų viduveislinė ir tarpveislinė bioįvairovė – išsaugojimas per panaudojimą“ (Biodiversity within and between European Red dairy breeds – Conservation through utilisation) ReDiverse metu.

Taikant plataus masto pavienio nukleotido polimorfizmą genotipavimo duomenis, buvo detalai charakterizuota Lietuvos žaliųjų veislės galvijų populiacijos vidinė genetinė struktūra ir nustatyti evoliucijos veiksniai. Duomenys buvo apdoroti naudojant PLINK v1.09 programinę įrangą, atlikta kokybės kontrolė, taikant SNP filtravimą, o galutinis duomenų rinkinys sudarė 48,708 SNP.

Atrenkant tyrimams gyvulius, buvo atsižvelgiama į atliktą Lietuvos žalujų galvijų kilmės duomenų analizę. Genetiniams tyrimams atlikti buvo siunčiama 2 rūšių genetinė medžiaga – šerių ir spermos pavyzdžiai.

Genetiniam vertinimui (iš šerių pavyzdžių) buvo ištirta 300 Lietuvos žalujų ir žalmargių galvijų mėginių, kurie buvo surinkti iš 4 skirtingų Lietuvos ūkių. Surinkta 236 Lietuvos žalujų atviros populiacijos (2010–2020 metų gimimo karvės, kurių motinos veislė – LŽ, tėvo veislė – LŽ, AI, AN, DŽ, ŠŽ ir ŽH), 10 Lietuvos žalujų senojo genotipo galvijų mėginių (2007–2021 metų gimimo karvės, kurių motinos veislė – LŽSG, tėvai – genofondiniai buliai: Hamnetas 3429, Apas 3446, Vieversys 3452, Durklas 3477, Ceras 3506 ir Demonas 3735). Palyginimui atrinkta po 18 mėginių iš Lietuvos žalujų galvijų gerinimui naudojamų veislių: anglerų (2021–2018 metų gimimo karvės, kurių motinos veislė – AN, tėvo – AI, DŽ, ŽH), Švedijos žalmargių (2013–2019 metų gimimo karvės, kurių motinos veislė ŠŽ, tėvo – AI, DŽ, ŠŽ) ir Danijos žalujų galvijų (2012–2018 metų gimimo karvės, kurių motinos veislė – DŽ, – AI, DŽ ir ŽH).

Šerių (plaukų) mėginių rinkimas:

- mėginio sudarymui buvo paimta 20–25 šeriai su svogūnėliais,
- šeriai buvo patalpinti į švarų vienkartinį plastikinį maišelį,
- ant mėginio užrašytas gyvulio numeris,
- užpildytas mėginių paėmimo ir pristatymo lydraštis,
- mėginiai buvo siunčiami į sertifikuotą laboratoriją „Eurofins Genomics Europe Genotyping“ (Danija).

Kadangi galvijų veislininkystėje lemiamą įtaką turi bulių reproduktorių panaudojimas, buvo atliekamas ir genetinis vertinimas iš spermos mėginių. Buvo surinkta ir ištirta 10 atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų ir 8 senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų aukštos veislinės vertės reproduktorių kriokonservuotos spermos mėginiai, saugomi LSMU Gyvulininkystės instituto genų banke. Lietuvos žalujų galvijų atviros populiacijos bulių spermos mėginiai buvo atrinkti iš AB „Lietuvos veislininkystė“. Mėginiai buvo išsiųsti į sertifikuotą laboratoriją „Christian – Albrechts Universitat Kiel, Institut fur Tierzucht und Tierhaltung“ (Vokietija).

2.5 Funkcinių požymių ekonominių verčių vertinimas

Norint įvertinti funcinių požymių ekonominę svarbą, trims Lietuvos pie-ninių galvijų veislėms – atviros populiacijos Lietuvos žaliesiems galvijams (LŽAP), senojo genotipo Lietuvos žaliesiems galvijams (LŽSG) ir atviros populiacijos Lietuvos juodmargiams galvijams (LJAP) – buvo nustatytos ekonominės vertės (EV).

Siekiant įvertinti pieninių bandų ekonominį potencialą, buvo pasitelktas stochastinis bioekonominis modelis „SimHerd“, kuris leidžia prognozuoti pieno ūkių piniginių prieaugį [99, 100, 101]. Modeliavimas buvo atliktas remiantis veislei būdingais fenotipiniais ir ekonominiais duomenimis. Kiekvienam analizuojamam požymiui buvo taikomi du modeliavimo scenarijai, atspindintys skirtingus fenotipinius požymio lygius: pirmame scenarijuje esamas požymio rodiklis, užregistruotas bandoje, buvo padidintas vienu procentiniu punktu, formuojant „aukšto“ lygio scenarijų, o antrame – sumažintas vienu procentiniu punktu, sudarant „žemo“ lygio scenarijų. Ekonominės vertės (EV) apskaičiavimui šie du scenarijai buvo analizuojami ir lyginami pagal jų ekonominius efektus, naudojant dviejų lygių palyginimą. Kad būtų išvengta dvigubo skaičiavimo poveikio, ekonominiai rezultatai buvo koreguojami naudojant daugialypės regresijos analizę su tarpiniais kintamaisiais, siekiant užtikrinti tikslesnį ir objektyvesnį vertinimą [88].

Bioekonominio modelio „SimHerd“ pritaikymas

„SimHerd“ modelis [99] yra plačiai naudojamas daugelyje pieninių galvijų modeliavimo tyrimų tiek ekonominių verčių nustatymui [44, 48], tiek kryžminimo ekonominių pasekmių analizės tyrimui [102]. Ši programa modeliuoja pieno primilžį, pašarų suvartojimą, reprodukciją bei ligų įtaką. „SimHerd“ modelio etapų struktūrinė schema pateikta 2.5.1 lentelėje.

2.5.1 lentelė. „SimHerd“ modelio etapų struktūrinė schema: mokslinė analizė ir taikymo metodika

1.	2.	3.
Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija (LŽAP)	Lietuvos žalieji galvijai senojo genotipo (LŽSG)	Lietuvos juodmargiai galvijai atvira populiacija (LJAP)
„SimHerd“ – DINAMINIS IR STOCHASTINIS PIENINIŲ GALVIJŲ BANDOS MODELIS Produkcijos ir bandos būklės prognozavimas laiko atžvilgiu		
2 ETAPAI:		
1. PRADINIAI DUOMENYS	2. GAUTŲ DUOMENŲ MODELIAVIMAS	
<ol style="list-style-type: none"> 1. Veislių modeliavimas „SimHerd“ (https://simherd.com/en/) programoje, atsižvelgiant į veislei būdingus fenotipinius duomenis, pateiktus produktyvumo metinėse ataskaitose. 2. Modelyje naudojamas vidutinis 200 karvių bandos dydis. 3. Visi scenarijai buvo imituoti per 40 metų laikotarpį, kad būtų galima nustatyti bandos dinamiką, reikalingą ekonominio poveikio kiekybiniam įvertinimui. 4. Kiekvienas scenarijus pakartotas 1000 kartų, kad būtų užtikrintas tikslus vertinimas. 5. 1–10 metų rezultatai buvo atmesti, kadangi nuo pradinio modeliavimo taško jie yra labai nepastovūs. 	<ol style="list-style-type: none"> 1. Imituoti scenarijai buvo nagrinėjami, taikant Lietuvoje esančius įkainius ir sąnaudas atitinkamiems techniniams rezultatams. 2. Buvo modeliuojami scenarijai, atspindintys pieninių galvijų bandas. 3. Atlikta daugialypė regresinė analizė, siekiant išvengti dvigubo skaičiavimo. 4. Modeliuojamų pieninių bandų ekonominis pelnas (Eur/metus) apskaičiuotas mechaniškai kaip visų pajamų ir visų išlaidų skirtumas [88; 99]. 	

Tyrimo metu buvo identifikuoti 12 esminių funkcinių požymių, kurie buvo sistemingai sugrupuoti į atitinkamas požymių kategorijas, siekiant užtikrinti jų analizės aiškumą, taip pat palengvinti jų interpretaciją ir palyginamumą su kitų tyrimų rezultatais (2.5.2 lentelė).

2.5.2 lentelė. Funkciniai požymiai, naudojami „SimHerd“ programoje

Požymių kompleksas	Požymiai
Produktyvumas	Pienas, kg (ECM)
Sveikata	Mastitas
	Kojų ligos
	Ketozė
	Hipokalcemijos po apsiveršiavimo
	Metritas
Vaisingumas	Apsivaisinimo indeksas, karvių/telyčių
	Rujos nustatymo indeksas, karvių/telyčių
Veršiamosios savybės	Distocija
	Vaisiaus žūtis
Išgyvenamumas	Karvių gaištamumas
	Veršelių gaištamumas, ankstyvas/vėlyvas

Toliau detalios paaiškinamos stochastiniame modelyje taikytos funkcinių požymių sąvokos:

1. *Produkcija*. ECM (kg) buvo apskaičiuotas pagal LŽAP, LŽSG ir LJAP pieno, riebalų ir baltymų kiekį. Atliekant tyrimą daryta prielaida, kad mažesni LŽSG produktyvumą lėmė mažesnis koncentratų naudojimas.
2. *Sveikatos požymiai*. EV buvo apskaičiuotos šioms ligoms: mastitui, susijusiam su tešmens sveikata, kojų ligoms, susijusioms su nagų ir kojų sveikata, ketozei ir hipokalcemijai po veršiamosios, susijusiai su medžiagų apykaitos sveikata, ir metritui, reiškiančiam pieninių galvijų reprodukcijos sutrikimą.
3. *Reprodukciniai požymiai*. Buvo apskaičiuotos karvių ir telyčių apvaisinimo ir rujos nustatymo indeksų EV. Apsivaisinimo indeksas – tai tikimybė, kad karvė (telyčia) po sėklinimo taps veršinga. Karvių ir telyčių rujos nustatymo indeksas buvo apibrėžiamas kaip tikimybė, kad po sėklinimo patelė taps veršinga.
4. *Veršiamosios požymiai*. Veršiamosios požymius rodė distocija ir vaisiaus žūtis. Distocija buvo apibrėžiama kaip tikimybė, jog veršiamasis bus sunkus ir reikės veterinarinės pagalbos. Vaisiaus žūtis buvo apibrėžiama kaip negyvų veršelių, nugaišusių per 48 val. po gimimo, dalis, apskaičiuota kaip pirmaveršių ir daugkart apsiveršiusių karvių vidurkis.

5. *Veršelių ir karvių išgyvenamumo požymiai.* Veršelių išgyvenamumo (ankstyvojo ir vėlyvojo) požymiai buvo išreikšti veršelio nugaišimo tikimybe atitinkamai nuo 3 iki 14 d. po gimimo ir nuo 189 iki 458 d. po gimimo. Karvių gaištamumas buvo išreikštas kaip tikimybė, kad karvė nugaišo dėl proceso, kuriam įtakos neturėjo vaisingumo problema.

Dvigubas skaičiavimas ir daugialypė regresija

Pagal Østergaard ir kt. [88], kiekvieno požymio EV turi būti nustatoma nepriklausomai nuo kitų veisimo požymių. Siekiant išvengti dvigubo skaičiavimo poveikio, „SimHerd“ modeliuotas ekonominis rezultatas buvo pakoreguotas, taikant daugialypę regresinę analizę. Koreliacijos tarp požymių gali būti suprantamos kaip netiesioginiai keliai (dar kartais vadinami tarpiniais efektais) nuo dominančio požymio iki modeliuojamo rezultato. Todėl šiame tyrime ekonominis rezultatas buvo koreguojamas atsižvelgiant į požymių tarpusavio ryšius, kad būtų išvengta dvigubo skaičiavimo išvedant EV, kaip siūlo Østergaard ir kt. [88]. Tarpinis kintamasis turi būti modeliuojamas kaip koreliuojantis su „SimHerd“ dominančiais požymiais, taip pat turi būti veisimo tikslo dalis, turinti savo EV [88]. Pavyzdžiui, pieninių galvijų ketozė sukelia didelius pieno primilžio nuostolius dar prieš pasireiškiant bet kokiems klinikiniais sergančių karvių simptomams [103]. Tačiau ekonominiai sumažėjusio primilžio dėl karvių ligos padariniai neturi būti įtraukiami į ketozės EV, nes primilžis taip pat yra veisimo tikslo dalis. 2.5.3 lentelėje pateikti požymiai, naudoti kaip tarpiniai kintamieji ligų požymių ir distocijos regresinėje analizėje.

2.5.3 lentelė. *Tarpiniai kintamieji, naudoti nagrinėjamų požymių regresinėje analizėje*

Ligos	Požymiai, naudojami kaip tarpiniai kintamieji
Mastitas	Pieno primilžis, karvių gaištamumas
Metritas	Pieno primilžis, ketozė, apvaisinimo indeksas, rujos nustatymo indeksas
Ketozė	Pieno primilžis, rujos nustatymo indeksas
Hipokalcemija po gimdymo	Pieno primilžis, metritas, mastitas, distocija
Kojų ligos	Pieno primilžis, apvaisinimo indeksas, karvių gaištamumas
Distocija	Negyvas vaisius, karvių gaištamumas

Pieno primilžis buvo naudojamas kaip visų ligų tarpinis kintamasis. Mastito EV buvo koreguojama, naudojant pieno primilžį ir karvių gaištamumą kaip tarpinius kintamuosius. Metrito EV koreguota, kaip tarpinius kintamuosius, naudojant pieno primilžį, ketozę, apvaisinimo dažnį ir rujos nustatymo indeksą. Atliekant regresinę ketozės analizę kaip tarpiniai kintamieji buvo naudo-

jami pieno primilžis ir rujos nustatymo indeksas. Hipokalcemija po gimdymo buvo koreguojama, kaip tarpinius kintamuosius, naudojant pieno primilžį, metritą, mastitą ir distociją. Regresinėje analizėje kojų ligos koreguotos, naudojant pieno primilžį, apvaisinimo indeksą ir karvių gaištamumą. Distocija buvo koreguota, naudojant negyvo vaisiaus ir karvių gaištamumo požymius. Regresijos modelį galima apibūdinti taip [44, 48, 88] :

$$NetReturn_{ijkl} = \mu + \beta_a x_{ij} + \sum_{k=1}^n \beta_{bk} m_k + \beta_c x_diff_{ij} + \varepsilon_{ijkl},$$

kur $NetReturn_{ijk}$ 1 yra vidutinė metinė grynoji grąža, gauta iš i -ojo imituoto kartojimo ($i = 1, \dots, 1000$) j -ajam modeliuojamam lygiui ($j = 1, 2$) požymio x_{ij} . β_a žymi atitinkamą regresijos koeficientą ir tuo pačiu reiškia požymio x_{ij} EV įvertį. Kadangi μ žymi fiksuotą konstantą, β_{bk} yra tarpininko kintamojo m_k regresijos koeficientas, kai regresijoje reikia atsižvelgti į kiekvieną iš n tarpinių kintamųjų. Kadangi „SimHerd“ pateikia stochastinius modeliavimo elementus, x_diff_{ij} įtraukiamas su jo regresijos koeficientu β_c , kad būtų atsižvelgta į nepriklausomą atsitiktinę variaciją modeliuojamo rizikos lygio ribose, o ε_{ijkl} yra atsitiktinė liekamoji paklaida. 2.5.3 lentelėje pateikiama informacija, kokie tarpininko kintamieji m_k buvo naudojami regresijos analizėje, siekiant koreguoti nagrinėjamą požymį x_{ij} [88].

Pirminiai kalibravimo modelio duomenys

Imitacinis modelis buvo modeliuojamas LŽAP, LŽSG, LJAP populiacijoms, naudojant veislei būdingus fenotipinius duomenis. Pieno ir reprodukcinio našumo duomenys surinkti iš Lietuvos kontroliuojamų karvių bandų 2016–2017 metų produktyvumo ataskaitų Nr. 81 [104] ir pateikiami 2.5.4 ir 2.5.5 lentelėse. Šiose lentelėse buvo nurodyti šie kiekvienos veislės parametrai: riebalai ir baltymai (proc.), energiška koreguotas pienas (ECM), dienomis išreikštas veršiamosios intervalas, amžius 1-ojo veršiamosios metu, apskaičiuotas mėnesiais, karvių ir telyčių rujos nustatymo rodiklis, karvių ir telyčių apvaisinimo indeksas ir veisimo pradžia, apskaičiuota dienomis.

2.5.4 lentelė. LŽAP, LŽSG ir LJAP karvių produktyvumas per laktaciją (305 d.), riebalai ir baltymai proc.

Rodikliai	LŽAP	LŽSG	LJAP
Riebalai, proc.	4,43	4,56	4,31
Baltymai, proc.	3,50	3,48	3,35
1 laktacija, kg ECM*	6 907	4 916	6 741
2 laktacija, kg ECM*	7 596	5 553	7 648
3 laktacija, kg ECM*	7 469	5 949	7 526

*ECM = Energija – energetiškai koreguotas pienas.

2.5.5 lentelėje pateikti skaičiavimuose naudoti parametrai: LŽAP veršiamosi intervalas buvo trumpiausias, o LJAP ir LŽSG buvo atitinkamai 12 ir 9 dienomis ilgesni, lyginant su LŽAP. Pirmojo veršiamosi metu didžiausias amžius (mėnesiais) buvo LŽAP. Karvių rujos nustatymo rodiklis didžiausias buvo LŽAP ir LŽSG, LŽAP karvių apvaisinimo rodiklis buvo 5 proc. mažesnis nei LJAP ir LŽSG. Šis parametras buvo apskaičiuotas pagal formulę $(1/\text{sėklinimo indeksas}) \times 100$). LJAP grupėje apvaisinimo skaičius buvo 2,0, o LŽAP – 2,2 [104]. LŽSG karvių apvaisinimo greitis buvo imituotas „SimHerd“ programa.

2.5.5 lentelė. LŽAP, LŽSG ir LJAP fenotipiniai duomenys

Požymiai	LŽAP	LŽSG	LJAP
Veršiamosi intervalas, dienos	412	421	424
Amžius 1-ojo veršiamosi metu, mėn.	25,80	24,60	27,20
Karvių rujos nustatymas, proc.	45,16	45,24	43,16
Telyčių rujos nustatymas, proc.	55,08	55,56	59,91
Karvių apvaisinimo indeksas, proc.	45,00*	50,00**	50,00*
Telyčių apvaisinimo indeksas, proc.	58,82*	62,5	62,50*
Veisimo pradžia, dienų	46,67	45,62	44,27

*Apvaisinimo indeksas apskaičiuotas pagal formulę: $(1/\text{sėklinimo indeksas}) \times 100$.

** Simuliuota naudojant „SimHerd“ programą.

Modeliuojant buvo nagrinėjami imituoti scenarijai, taikant 2019 metų Lietuvoje galiojusias produkcijos, paslaugų ir prekių kainas, siekiant gauti atitinkamus techninius rezultatus (2.5.6 lentelė).

2.5.6 lentelė. Produkcijos ir paslaugų bei prekių kainos, Eur 2019 m.

Produkcija, paslauga, prekė	LŽAP	LŽSG	LJAP
¹ Pienas, pristatytas į pieninę ECM (energetiškai koreguotas pienas), 1 kg	0,29	0,29	0,29
² Skerdienos gyvasis svoris, 1kg	0,94	0,94	0,94
³ Nugaišusios karvės utilizavimas	33,00	33,00	33,00
³ Nugaišusios telyčios utilizavimas	21,00	21,00	21,00
³ Kaina už nugaišusio veršelio utilizavimą	9,00	9,00	9,00
⁶ Veršingos telyčios kaina	1050,00	1050,00	1300,00
⁶ Neveršingos telyčios kaina	550,00	550,00	800,00
⁶ Veislinio veršelio kaina	150,00	150,00	200,00
¹ Pieno milteliai, 1kg	2,02	2,02	2,02
⁴ Koncentruoti pašarai telyčioms, SFU	0,23	0,23	0,23
⁴ Stambieji pašarai telyčioms, SFU	0,10	0,10	0,10
⁵ Klinikinio mastito gydymo išlaidos	89,00	89,00	89,00

2.5.6 lentelės tęsinys

Produkcija, paslauga, prekė	LŽAP	LŽSG	LJAP
⁵ Pieno karštinės gydymo išlaidos	54,00	54,00	54,00
⁵ Distocijos gydymo išlaidos	69,00	69,00	69,00
⁵ Metrito gydymo išlaidos	72,00	72,00	72,00
⁵ Ketožės gydymo išlaidos	70,00	70,00	70,00
⁶ Spermos kaina	7,00	7,00	20,00

¹ „Agro market“ 2019, 2020 Lietuvos žemės ūkio ir maisto rinkos informacinė sistema; ² Ūkininkų apklausa; ³ Rietavo veterinarinė sanitarija“ (apmokėtas PVM 100 proc.); ⁴ Biologinio turto ir žemės ūkio produktų normatyvinių kainų sąrašas 2019 m.; ⁵ LSMU Gyvulininkystės instituto informacija; ⁶ Privatūs AI centrai.

Visų populiacijų kainos ir išlaidos buvo vienodos, išskyrus LJAP, kur veršingų telyčių, neveršingų telyčių, veislinių veršelių ir spermos kainos buvo didesnės.

2.6. Statistinė duomenų analizė

Kilmės analizė buvo atlikta naudojant statistinę programą POPREPORT [65]. Ši programa genetinius ryšius skaičiavo naudodama PEDIG Fortran paketą (Boichard, 2002).

Karvių produktyvumo ir eksterjero požymių duomenų statistinė analizė atlikta naudojant IBM SPSS Statistics 29.0 programos apibendrintojo tiesinio modelio (general linear model GLM) procedūrą. Karvių genotipas ir grupės pagal karvių gimimo metus į GLM modelį buvo įtrauktas kaip fiksuotas faktorius. Vidutinių reikšmių skirtumų tarp analizuojamų grupių statistinis patikimumas nustatytas naudojant LSD (Least Significant Difference) kriterijų. Skirtumai laikyti statistiškai patikimais, kai $p < 0,05$.

Karvių pasiskirstymas pagal jų eksterjero įvertinimo balus apskaičiuotas naudojant aprašomosios statistikos (Descriptive statistics) dažnių procedūrą (SPSS 29.0).

Genetinės įvairovės parametrai, analizuojant imunogenetinius duomenis, buvo apskaičiuoti naudojant GENALEX v6.501 [105] ir FSTAT v2.93 [106] programas. Populiacijų priskyrimo testas pagal Paetkau ir kt. buvo atliktas naudojant GENALEX programą. Apibendrinti testo rezultatai buvo apdoroti naudojant CIRCOS vizualizacijos programą [107].

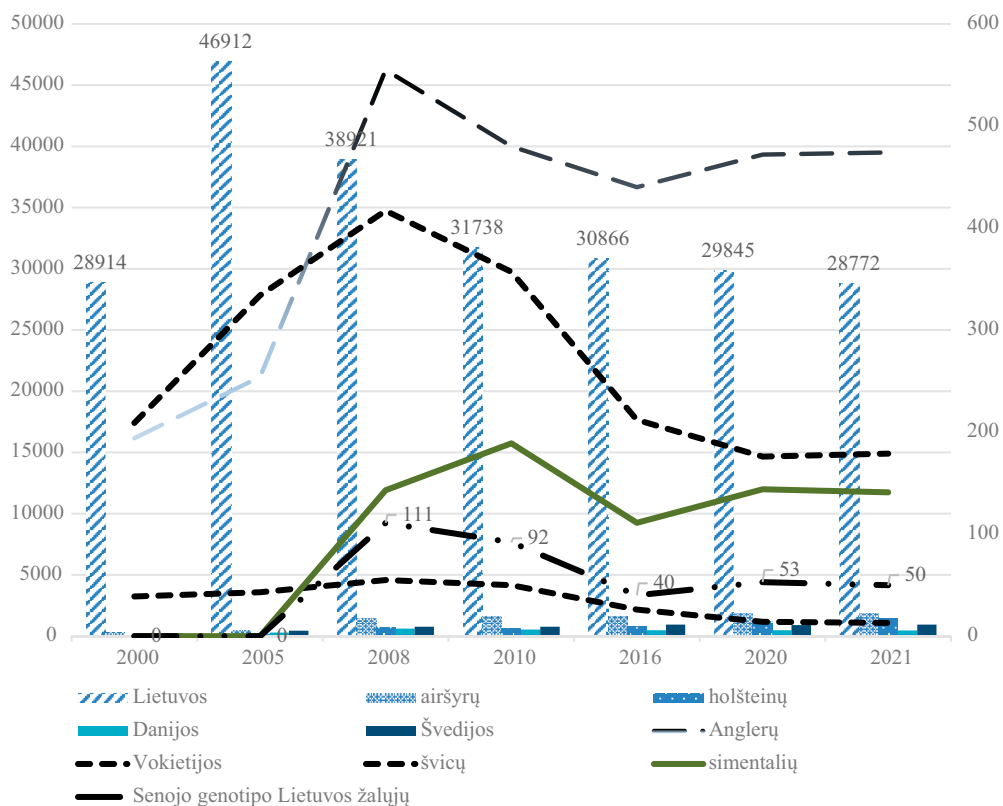
Funkcinių požymių ekonominės vertės buvo apskaičiuotos dviem etapais: pirmajame etape populiacijų modeliavimas buvo atliktas naudojant SimHerd programą (<https://simherd.com/en/>), o antrajame etape gauti duomenys buvo modeliuojami naudojant Rstudio 3.6.3 ir Delphi 10.3 programas.

3. TYRIMŲ REZULTATAI

3.1. Galvijų kilmės analizės rezultatai

3.1.1. Žalųjų ir žalmargių bei senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijų pokyčiai

2021 metais žalųjų ir žalmargių populiaciją sudarė 27 proc. visų Lietuvoje laikomų pieninių galvijų skaičiaus, iš kurių Lietuvos žalieji galvijai sudarė didžiausią dalį – 83,99 proc., airšyrai – 5,34 proc., holšteinai – 4,12 proc., Švedijos žalieji – 2,73 proc., ir kiti pieniniai galvijai – 3,82 proc. Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, kurie nuo 2008 m. apyskaitose išskiriama kaip atskira veislė, 2021 metais sudarė tik 0,04 proc. bendro visų melžiamų karvių skaičiaus. Atlikus 2005–2021 metų Lietuvos žalųjų ir žalmargių populiacijos kitimo analizę (3.1.1.1 pav.) nustatyta, kad per šešiolika metų Lietuvos žalųjų karvių skaičius sumažėjo 39 proc., 2021 metais šių karvių skaičius buvo 28772 vnt. [1, 28, 108, 109].



3.1.1.1 pav. Žalųjų ir žalmargių galvių ir senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvių populiacijų karvių skaičiaus kitimas Lietuvoje atskirais metais

Pastaba: Stulpeliuose pateikiama didesnių žaliųjų ir žalmargių galvių populiacijų karvių skaičius, eilutėse – mažesnių populiacijų ir senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvių populiacijos.

3.1.1.1 lentelėje pateikiamas kontroliuojamų žaliųjų ir žalmargių bei senojo genotipo Lietuvos žaliųjų karvių skaičiaus pasiskirstymas pagal kilmės knygų skyrius.

3.1.1.1 lentelė. Kontroliuojamų karvių, įrašytų į kilmės knygas, skaičius, vnt. (2018–2023 m.)

Populiacija	KK skyrius	Metai				
		2018–2019	2019–2020	2020–2021	2021–2022	2022–2023
Žaliųjų ir žalmargių	Pagrindinis	21607	5357	1209	5013	6610
	Papildomas	9734	5420	2792	19245	24599
Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų	Pagrindinis	Nefiksuoti duomenys	Nefiksuoti duomenys	10	12	10
	Papildomas	Nefiksuoti duomenys	Nefiksuoti duomenys	–	28	28

2018–2019 metais pagal apyskaitoje pateiktus duomenis pagrindiniame KK skyriuje buvo 21 607 žalujų ir žalmargių karvių, papildomame 11 873 vnt. karvių mažiau [110]. Šis karvių surašymas buvo vykdomas pagal Lietuvos žalujų galvijų veislės veisimo ir jai gerinti kitų veislių galvijų panaudojimo programą 2016–2020 metams, kuri remiantis Europos Sąjungos Reglamentu (ES) 2016/1012, 2019 metais nustojo galioti. Nepatvirtinus naujos Lietuvos žalujų veislės veisimo ir jai gerinti kitų veislių galvijų panaudojimo programos, Lietuvos žalieji galvijai buvo pradėti įrašyti į papildomą KK skyrių pagal 2019 metais patvirtintą naują žalmargių holšteinų galvijų veisimo Lietuvoje programą 2019–2025 metų laikotarpiui, kurioje į pagrindinį kilmės knygos skyrių įrašomi visi žalieji žalmargiai galvijai, kurių motina turi ne mažiau kaip 75 proc. žalmargių holšteinų kraujo. Todėl palyginus 2019–2023 metų laikotarpį, karvių skaičius pagrindiniame KK skyriuje sumažėjo 69 proc., papildomame padidėjo – 153 proc. [1, 111, 112, 113].

Senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų populiacijos duomenys buvo išskirti nuo 2020–2021 metų; iki tol visų keturių vietinių galvijų populiacijų informacija buvo pateikiama bendrai, neatskiriant pagal veisles [1]. 2022–2023 metų laikotarpyje pagrindiniame senojo genotipo Lietuvos žalujų veislės galvijų KK skyriuje buvo 10 karvių, papildomame – 28 [113].

3.1.2. Veislėje vyraujančio kraujo dalies analizė

Atviros populiacijos Lietuvos žalujų ir senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų vyraujančio kraujo dalies populiacijose analizė pateikta 3.1.2.1 lentelėje.

3.1.2.1 lentelė. *Atviros Lietuvos žalujų galvijų (1965–2023 m.) ir senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų (2003–2023m.) populiacijose vyraujančių veislių kraujo laipsnio analizė*

Vyraujanti veislė	Viso galvijų sk., vnt.		Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.			
	LŽAP	LŽSG	25–50		≥ 50	
			LŽAP	LŽSG	LŽAP	LŽSG
Žalmargiai holšteinai	118433	29	38739	8	79650	0
Lietuvos žalieji	–	129	–	1	–	0
Senojo genotipo Lietuvos žalieji	–	59	–	0	–	0
Holšteinai	45053	–	22106	–	22921	–
Švedijos žalmargiai	44363	–	29702	–	14588	–
Danijos žalieji	19403	129	14326	49	4992	78
Airšyrai	9322	–	7615	–	1686	–

3.1.2.1 lentelės tęsinys

Vyraujanti veislė	Viso galvijų sk., vnt.		Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.			
			25–50		≥ 50	
	LŽAP	LŽSG	LŽAP	LŽSG	LŽAP	LŽSG
Anglerai	6390	133	6007	55	376	2
Švicai	5149	28	4814	–	320	–
Simentalų pieniniai	1299	–	1214	–	74	–
Džersiai	1932	–	1637	–	295	–
Montbeliarde	1894	–	1718	–	129	–
Nežinoma	46787	88	21641	0	25139	0
Kitos veislės	1058	–	948	–	87	–
Viso:	301083	595				

LŽAP – atvira Lietuvos žалуjų galvijų populiacija; LŽSG – senojo genotipo Lietuvos žалуjų galvijų populiacija.

Duomenų analizė atskleidė, kad atviroje Lietuvos žалуjų galvijų populiacijoje dominuoja karvės, turinčios žalmargių holšteinų vyraujančią kraują (25–50 proc. ir 50 proc. ir daugiau) ir kurios sudaro beveik 40 proc. visos Lietuvos žалуjų galvijų atviros populiacijos karvių. Reikšmingą populiacijos dalį taip pat sudaro karvės, turinčios holšteinų (14,96 proc.) ir Švedijos žalmargių (14,73 proc.) vyraujančią kraują. Bet 16 proc. visos populiacijos karvių turi nežinomos kilmės kraują, kas atspindi genetinės įvairovės ir veislinės identifikacijos iššūkius šioje populiacijoje. Kitos veislės sudarė 15,43 proc.

Senojo genotipo Lietuvos žалуjų galvijų veislės karvių genetinė sudėtis rodo reikšmingą anglerų, Danijos žалуjų ir Lietuvos žалуjų galvijų dominavimą. Išanalizavus duomenis pastebima, kad senojo genotipo Lietuvos žалуjų galvijų veislėje karvės, turinčios anglerų kraujo, sudaro 22,35 proc. visos populiacijos. Taip pat didelę dalį sudaro karvės, kuriose dominuoja Danijos žалуjų (21,68 proc.) bei Lietuvos žалуjų galvijų (21,68 proc.) genai.

Duomenų analizė (3.1.2.2 lentelė) išsamiau atskleidė selekcinio darbo pokyčius abiejose populiacijose, skirstant karves į dvi grupes pagal gimimo laiką: iki 2010 metų ir nuo 2011 metų. LŽAP populiacijoje iki 2010 metų didžiausią populiacijos dalį, 30 proc., sudarė karvės su vyraujančiu žalmargių holšteinų krauju. Ši tendencija išsilaikė ir tarp vėliau gimusių karvių, kurios sudarė 48 proc. visos populiacijos. Holšteinų kraujo turinčių karvių skaičius ženkliai padidėjo, išaugdamas aštuonis kartus per lyginamus laikotarpius.

Lietuvos žалуjų galvijų veislė buvo išvesta, vietinius galvijus kryžminant su Danijos žalaisiais, anglerais, švicais ir Švedijos žalmargiais. Vertinant atskirus laikotarpius, stebimas šių veislių galvijų skaičiaus sumažėjimas: karvių, turinčių Švedijos žalmargių veislės vyraujančią kraują, skaičius sumažėjo per

pus, o karvių, turinčių Danijos žalujų veislės vyraujančią kraują, liko tik 869, nors iki 2010 metų jų buvo 18534, t. y. skaičius sumažėjo 95 proc. Švicų veislės karvių skaičius sumažėjo 3,6 karto, o anglerų liko tik 50 karvių, kai anksčiau buvo 6340 vnt. Šie pokyčiai atspindi aiškų selekcinio darbo pėdsaką, leidžiantį išvelgti veisimo strategijų pokyčius ir jų įtaką veislių sudėčiai bei genetinės įvairovės kryptims.

Senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų veislės kraujo laipsnio dalies analizė parodė, kad iki 2010 metų gimusios karvės daugiausia turėjo anglerų, Danijos žalujų ir Lietuvos žalujų galvijų genų. Ši genetinė tendencija stebima ir tarp po 2011 metų gimusių karvių.

3.1.2.2 lentelė. Lietuvos žalujų galvijų atviroje populiacijoje (1965–2023 m.) ir senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų (2003–2023 m.) populiacijoje vyraujančios veislės kraujo laipsnio dalies analizė pagal gimimo metus

Vyraujanti veislė	Vienetai	Karvių, gimusių iki 2010 m., skaičius		Karvių, gimusių po 2011 m., skaičius	
		LŽAP	LŽSG	LŽAP	LŽSG
Žalmargiai holšteinai	Bendras skaičius, iš jų:	38961	8	79472	21
	25–50 proc.	21941	8	16798	7
	≥ 50 proc.	17015	0	62635	0
Lietuvos žalieji	Bendras skaičius, iš jų:	–	45	–	84
	25–50 proc.	–	1	–	0
	≥ 50 proc.	–	0	–	0
Senojo genotipo Lietuvos žalieji	Bendras skaičius, iš jų:	–	12	–	16
	25–50 proc.	–	0	–	0
	≥ 50 proc.	–	0	–	0
Holšteinai	Bendras skaičius, iš jų:	5147	–	39907	–
	25–50 proc.	3503	–	18603	–
	≥ 50 proc.	1637	–	21048	–
Švedijos žalmargiai	Bendras skaičius, iš jų:	30301	–	14062	–
	25–50 proc.	21354	–	8348	–
	≥ 50 proc.	8941	–	5647	–
Airšyrai	Bendras skaičius, iš jų:	1949	–	7373	–
	25–50 proc.	1820	–	5795	–
	≥ 50 proc.	129	–	1557	–
Švicai	Bendras skaičius, iš jų:	4029	–	1120	–
	25–50 proc.	3984	–	830	–
	≥ 50 proc.	35	–	285	–
Danijos žalieji	Bendras skaičius, iš jų:	18534	45	869	84
	25–50 proc.	13516	16	810	33
	≥ 50 proc.	4989	29	2	49

3.1.2.2 lentelės tęsinys

Vyraujanti veislė	Vienetai	Karvių, gimusių iki 2010 m., skaičius		Karvių, gimusių po 2011 m., skaičius	
		LŽAP	LŽSG	LŽAP	LŽSG
Anglerai	Bendras skaičius, iš jų:	6340	51	50	84
	25–50 proc.	5959	15	48	40
	≥ 50 proc.	375	0	1	2
Švicai	Bendras skaičius, iš jų:	–	12	–	16
	25–50 proc.	–	0	–	0
	≥ 50 proc.	–	0	–	0
Nežinoma	Bendras skaičius, iš jų:	24083	54	22704	32
	25–50 proc.	17244	0	4397	0
	≥ 50 proc.	6839	0	18300	0

LŽAP – atvira Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija; LŽSG – senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija

Pastaba: Veislės kraujo laipsnio dalis: 25–50 proc.; ≥ 50 proc.

3.1.3. Populiacijų pradininkų analizė

Kadangi populiacijų pradininkų skaičius yra esminė dalis nagrinėjant gyvūnų veisimo sistemas, buvo atlikta analizė, kuri leido suprasti, kiek skirtingose populiacijose yra pradininkų, kurių kilmė yra visiškai žinoma, ir kiek iš jų yra nežinomos kilmės (3.1.3.1 lentelė).

3.1.3.1 lentelė. Populiacijų pradininkų skaičiaus kitimas

Laikotarpis	Patinai	Patelės	N_1	N_2	N_3	Laikotarpis	Patinai	Patelės	N_1	N_2	N_3
LŽAP						LJAP					
1946–2004	9914	204897	13409	7694	38386	1944–2004	13656	68490	6365	1467	6304
2005–2009	2087	115203	85	4613	69	2005–2009	3627	81988	740	1882	273
2010–2015	2562	142771	3	13023	27	2010–2015	4170	170877	884	8022	214
2016–2020	12411	93109	–	11927	–	2016–2020	23988	155363	467	12327	3
LŽSG_PKKirP						LJSG_PKKirP					
1959–2004	626	1521	2	–	248	1966–2004	1744	5447	176	84	1672
2005–2009	104	279	–	–	–	2005–2009	395	2828	4	25	5
2010–2015	145	423	–	5	–	2010–2015	579	4499	–	344	–
2016–2020	45	310	–	13	–	2016–2020	559	2523	–	390	–
LŽSG_PKK						LJSG_PKK					
1959–2004	275	751	1	–	121	1961–2004	688	2512	78	40	805
2005–2009	20	128	–	–	–	2005–2009	112	1430	3	7	1
2010–2015	16	130	–	–	–	2010–2015	83	2318	–	28	–
2016–2020	11	59	–	–	–	2016–2020	122	1090	–	5	–

N_1 – pradininkai, kurių tėvai nežinomi, N_2 – pradininkai, kurių žinomi tik patelės tėvai, N_3 – pradininkai, kurių žinomi tik patino tėvai.

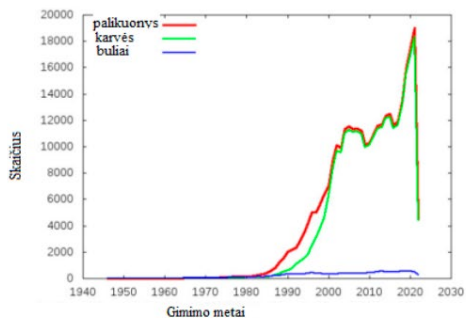
LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Analizuojant Lietuvos žalujų galvijų ir Lietuvos juodmargių atvirąsias populiacijas matyti, kad daugiausia nežinomų pradininkų buvo ankstyvojoje populiacijų formavimosi stadijoje, kuriai būdingas didelis neidentifikuotų gyvulių skaičius. Toliau analizė parodė, kad vėlesniais analizuojamais laikotarpiais vyrauja tendencija, kai didžiausią dalį sudaro pradininkai, kurių yra žinomi tik patelės tėvai.

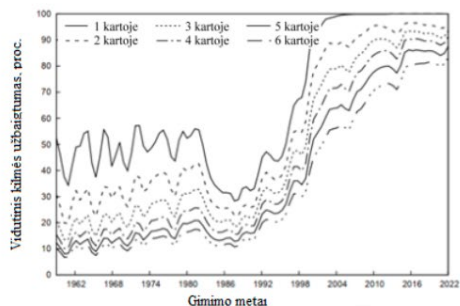
Senojo genotipo LŽ pradininkų detali analizė parodė, kad seniausiu laikotarpiu didžiausią pradininkų dalį sudarė pradininkai, kurių yra žinomi tik patino tėvai. Ta pati tendencija matyti ir analizuojant ir į KK pagrindinių skyrių įtrauktus galvijus. Analizuojant senojo genotipo Lietuvos juodmargių visą populiaciją ir KK pagrindinio skyriaus galvijus matyti, kad 1961–2004 laikotarpiu didžiąją dalį sudarė pradininkai, kurių žinomi tik patino tėvai. Vėlesniais analizuojamais laikotarpiais vyrauja tendencija, kai didžiausią dalį sudaro pradininkai, kurių yra žinomi tik patelės tėvai.

3.1.4. Populiacijų struktūra

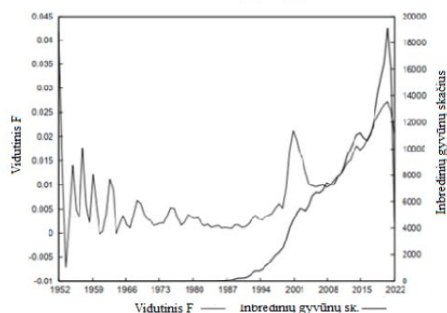
Atvira Lietuvos žalujų galvijų populiacija. Atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų panaudojimas veisimui atskirais metais ir vidutinis kilmės užbaigtumas, išreikštas procentais 1–6 kartose, pavaizduotas 3.1.4.1 pav. a ir b dalyse. Analizuojant šių duomenų rezultatus kartu su populiacijos kaitos rezultatais, matyti, kad nuo 1995 metų atviros populiacijos veisimo intensyvėjimas tiesiogiai koreliuoja su kilmės užbaigtumu. Taip pat matyti, kad nuo 1986 iki 1995 m. kilmės duomenys buvo nepilnai registruoti, tam galėjo turėti įtakos tuo metu vykusį veislininkystės sistemos reorganizacija. Pastarųjų dešimtmečių laikotarpyje gimusių atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų vidutinis kilmės užbaigtumas buvo tokio lygmens: pirmoje kartoje – 100 proc.; antroje – 95,1 proc.; trečioje – 91,5 proc.; ketvirtoje – 88,4 proc.; penktoje – 84,1 proc.; šeštoje – 78,9 proc. Vidutinis įvaisos laipsnis (3.1.4.1 pav. c) 1995 m. nustytas 0,0131, 2021 m. – 0,0271. Galvijų su įvaisa skaičius 1995 m. buvo 1075 vnt. ir kiekvienais metais didėjo, 2021 m. skaičius išaugo iki 18595. 1957–2022 m. periode buvo nustatyta 0,00006 vidutinė pridėtinio genetinio ryšio kitimo reikšmė per metus (3.1.4.1 pav. d). Dėl to gauta Δf reikšmė per kartą buvo lygi 0,00031. Vidutinio įvaisos koeficiento kitimas, pagrįstas regresijos nuolydžiu nuo 1957 iki 2022 m., buvo 0,00027, o ΔF per kartą buvo 0,00138.



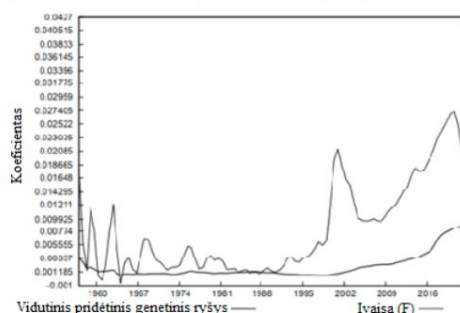
a) Veisimui naudotų galvijų skaičius



b) Vidutinis kilmės užbaigtumo rodiklis (proc.) 1–6 kartose



c) Įvaiso koeficientas (F) ir galvijų su įvaisa skaičius atskirais metais

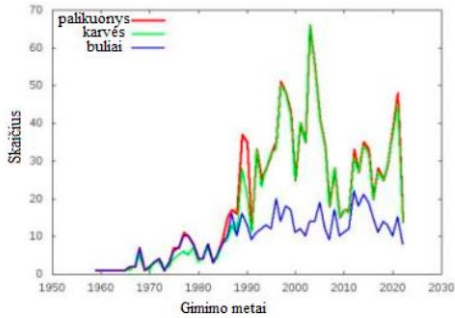


d) Įvaisis (F) ir vidutinio pridėtinio genetinio ryšio (f) koeficientai atskirais metais

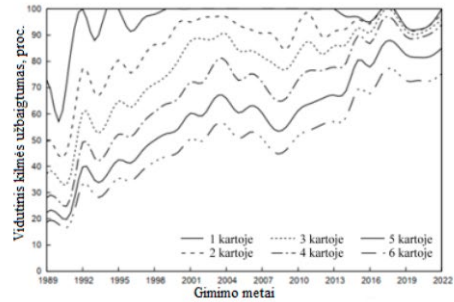
3.1.4.1 pav. Atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijos struktūra

Senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija (pagrindinis ir papildomas KK skyriai). Informacija apie senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų naudojimą veisimui skirtingais laikotarpiais pateikta 3.1.4.2 pav. a ir b dalyse. Analizė parodė, kad nuo 2009 metų senojo genotipo veisimo suintensyvėjimas glaudžiai susijęs su kilmės užbaigtumo didėjimu. Nuo to laiko 6 kartos kilmės užbaigtumas nebuvo mažesnis nei 45 proc. Pastarųjų dešimtmečių laikotarpyje gimusių atviros populiacijos senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų vidutinis kilmės užbaigtumas buvo: pirmoje kartoje – 96,1 proc., antroje – 94,5 proc., trečioje – 91,8 proc., ketvirtoje – 88,2 proc., penktoje – 79,3 proc., šeštoje – 69,3 proc. Vidutinis įvaisis laipsnis (3.1.4.2 pav. c) 2002 m. buvo nustatytas 0,0547, o 2021 m. – 0,0238. Galvijų su įvaisa skaičius 2002 m. buvo 10, o 2021 m. skaičius išaugo iki 26.

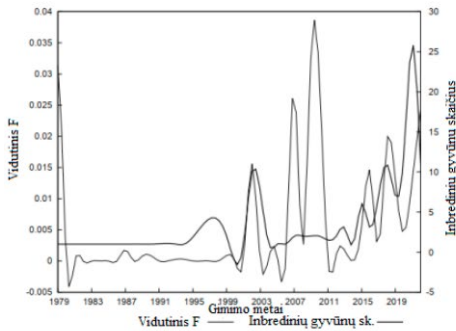
1968–2022 m. periode buvo nustatyta 0,00011 vidutinė pridėtinio genetinio ryšio kitimo reikšmė per metus (3.1.4.2 pav. d). Dėl to gauta Δf reikšmė per kartą buvo lygi 0,00078. Vidutinio įvaisis koeficiento kitimas, pagrįstas regresijos nuolydžiu nuo 1968 iki 2022 m., buvo 0,00023, o ΔF per kartą – 0,00165.



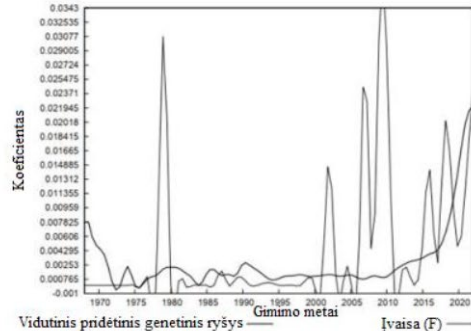
a) Veisimui naudotų galvijų skaičius



b) Vidutinis kilmės užbaigtumo rodiklis (proc.) 1–6 kartose



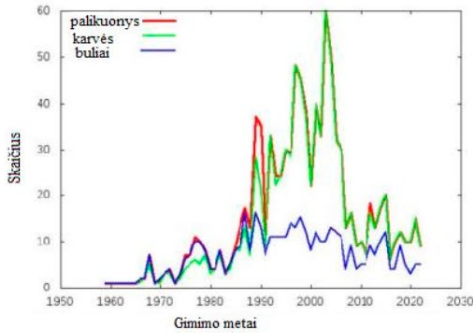
c) Įvaisos koeficientas (F) ir galvijų su įvaisa skaičius atskirais metais



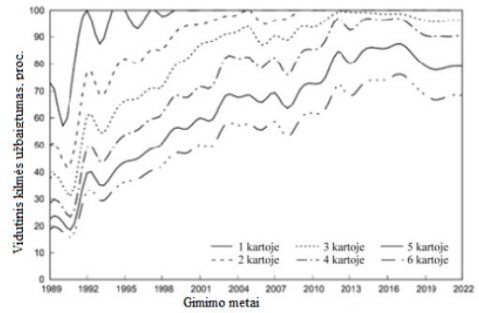
d) Įvaisos (F) ir vidutinio pridėtinio genetinio ryšio (f) koeficientai atskirais metais

3.1.4.2 pav. Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijos struktūra

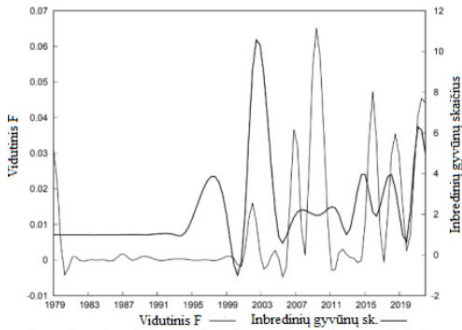
Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacija (pagrindinis KK skyrius). Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių, panaudojimas veisimui atskirais metais ir vidutinis kilmės užbaigtumas išreikštas procentais 1–6 kartose, pavaizduotas 3.1.4.3 pav. a ir b dalyse. Pastarųjų dešimtmečių laikotarpyje gimusių senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų vidutinis kilmės užbaigtumas buvo šio lygmens: pirmoje, antroje kartose – 100 proc., trečioje – 97,9 proc., ketvirtoje – 93,8 proc., penktoje – 82,8 proc., šeštoje – 71,4 proc. Vidutinis įvaisos laipsnis (3.1.4.3 pav. c) 2002 m. buvo nustatytas 0,0590, o 2021 m. – 0,0924. Galvijų su įvaisa skaičius 2002 m. buvo 9, 2021 m. – 6. 1968–2022 m. periode buvo nustatyta 0,00040 vidutinė pridėtinio genetinio ryšio kitimo reikšmė per metus (3.1.4.3 pav. d). Dėl to gauta Δf reikšmė per kartą buvo lygi 0,00283. Vidutinio įvaisos koeficiento kitimas, pagrįstas regresijos nuolydžiu nuo 1968 iki 2022 m., buvo 0,00046, o ΔF per kartą – 0,00324.



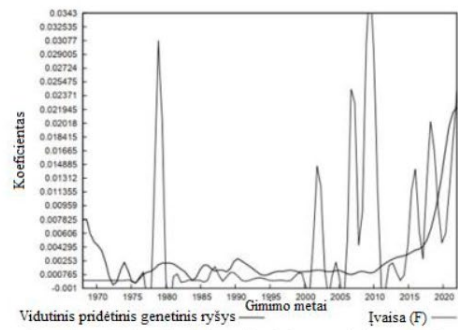
a) Veisimui naudotų galvijų skaičius



b) Vidutinis kilmės užbaigtumo rodiklis (proc.) 1–6 kartoje



c) Įvaisos koeficientas (F) ir galvijų su įvaisa skaičius atskirais metais



d) Įvaisos (F) ir vidutinio pridėtinio genetinio ryšio (f) koeficientai atskirais metais

3.1.4.3 pav. Senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijos, įrašytos į pagrindinį KK skyrių, struktūra

Apibendrinami rezultatus matome, kad vidutinis kilmės užpildymo procentas per dešimties metų laikotarpį senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų, įrašytų į pagrindinį kilmės knygos skyrių ir atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų pirmoje kartoje buvo 100 proc., o senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų, įrašytų į pagrindinį ir papildomą KK skyrius – 96,1 proc. Antros ir trečios kartos vidutinis kilmės užbaigtumas svyravo nuo 91,5 proc. iki 100 proc. Kaip ir tikėtasi, vidutinis kilmės užbaigtumas sekančiose kartose mažėjo. Mažiausias vidutinis kilmės užbaigtumas šeštoje kartoje buvo nustatytas senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų (69,3 proc.), pagrindinio KK skyriaus galvijų šiek tiek didesnis (71,4 proc.), o didžiausias atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų (78,9 proc.). 2021 m. didžiausias vidutinis įvaisos laipsnis buvo nustatytas senojo genotipo galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių, populiacijai. Didžiausia pridėtinio genetinio ryšio kitimo reikšmė per metus buvo nustatyta senojo genotipo populiacijai, įrašytai į pagrindinį KK skyrių (0,00040), mažiausia (0,00006) – atviros populiacijos LŽ. Didžiausias vidutinio įvaisos koeficiento kitimas, pagrįstas regresijos nuolydžiu, taip pat buvo nustatytas

senojo genotipo galvijų populiacijai, pagrindinis KK skyrius (0,00046), atviros populiacijos rodiklis buvo 0,00027, senojo genotipo LŽ 0,00023.

3.1.5. Galvijų populiacijų struktūros pokyčiai

Per pastaruosius penkiolika metų buvo nustatytas veislinių bulių, karvių ir telyčių skaičius, kuris turėjo įtakos tolimesnei populiacijos struktūrai. Abiejų Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijų ir kitų Lietuvos pieninių galvijų veislių bulių, karvių ir telyčių pasiskirstymo palyginimas pagal palikuonis pateiktas 3.1.5.1 lentelėje.

3.1.5.1 lentelė. Bulių, karvių ir telyčių pasiskirstymas pagal palikuonių skaičių

Metai	LŽAP		LŽSG_PKKirP		LŽSG_PKK		LJAP		LJSG_PKKirP		LJSG_PKK	
	G*	A*	G*	A*	G*	A*	G*	A*	G*	A*	G*	A*
Buliai, vnt.												
2005	382	354	19	17	12	10	908	831	61	60	33	31
2009	388	359	10	10	4	4	764	706	47	45	24	23
2015	517	457	18	15	12	7	789	738	94	76	30	14
2020	528	183	9	4	3	3	670	295	71	13	9	4
Karvės ir telyčios, vnt.												
2005	11279	6298	41	20	32	11	7498	6795	167	161	105	95
2009	9945	6145	15	12	9	6	9751	8575	216	170	140	107
2015	12255	7175	32	21	20	8	17623	13132	479	287	245	108
2020	16889	1468	36	6	10	3	31417	3367	498	27	183	6

G* – bulių, karvių ir telyčių, pateiktuju laikotarpiu turėjusių palikuonių, skaičius; A* – bulių, karvių ir telyčių, kurių palikuonys tapo tėvais sekančioje kartoje, skaičius; LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

LŽAP populiacijoje bulių, turėjusių palikuonių, skaičius per pastaruosius metus padidėjo 38,21 proc., tačiau jų tėvinis indėlis sekančioms kartoms sumažėjo 48,30 proc. 2020 metais tėvinis indėlis sekančioms kartoms sudarė 34,65 proc. LŽSG_PKKirP ir LŽSG_PKK populiacijose gimusių bulių skaičius 2005–2020 metais sumažėjo atitinkamai 47 ir 25 proc.

Paskutiniaisiais metais LŽSG_PKKirP populiacijoje gimė 9 buliai, iš kurių 4 buvo panaudoti kaip tėvinis sąstatas sekančioms kartoms, o LŽSG_PKK populiacijoje gimė 3 buliai, iš kurių visi buvo panaudoti. Analizė parodė, kad

pastaraisiais metais visose analizuojamose populiacijose bulių panaudojimo kaip tėvinių sąstato sekančioms kartoms procentinė dalis mažėja.

Atlikus analizuojamų populiacijų karvių panaudojimo analizę nustatyta, kad per penkiolika metų LŽAP populiacijoje gimusių karvių skaičius padidėjo 50 proc., tačiau iš jų 2020 m. panaudota sekančiai kartai tik 9 proc. (per penkiolika metų sumažėjo 47 proc.). LŽSG_PKKirP karvių sumažėjo 12 proc., LŽSG_PKK – 75 proc., o 2020 metais panaudojimo sekančiai kartai procentinė dalis siekė 17 ir 30 proc. Ta pati tendencija nustatyta ir analizuojant LJAP, LJSG_PKKirP populiacijas.

Populiacijos struktūros pokyčius lemia ir reprodukcijai naudojamų gyvulių amžius (3.1.5.2 lentelė).

3.1.5.2 lentelė. Vidutinis reprodaktorius, karvių ir telyčių reprodukcinis amžius pagal palikuonis, metais

Metai	LŽAP		LŽSG_PKKirP		LŽSG_PKK		LJAP		LJSG_PKKirP		LJSG_PKK	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
2005	7,7	4,1	9,4	5,1	9,5	5,0	6,0	3,7	7,3	4,2	8,3	4,4
2009	8,0	3,9	11,5	7,3	14,0	7,2	6,6	3,7	7,7	5,3	8,3	6,0
2015	6,5	3,5	8,7	3,4	10,9	3,5	5,6	3,4	4,9	3,7	7,5	4,1
2020	5,7	3,3	14,7	3,8	31,0	4,5	5,2	3,2	5,6	4,4	7,9	4,9
2021	5,5	3,3	13,0	3,3	27,8	3,7	5,2	3,2	5,1	4,5	8,5	5,2

Pastaba: ♂ - reprodatoriai, ♀- karvės ir telyčios

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Tyrimo metu pagal palikuonių skaičių buvo nustatytas atviros populiacijos ir senojo genotipo Lietuvos žaliųjų ir Lietuvos juodmargių bulių panaudojimo reprodukcijai intensyvumas. Analizuojamų bulių vidutinis reprodukcinis amžius pasiskirstė nevienodai ir 2021 m. svyravo nuo 5,1 iki 27,8 metų. Didžiausias populiacijos viduje naudojamų bulių amžius buvo nustatytas LŽSG_PKK populiacijoje, t.y. du kartus didesnis nei LŽSG_PKKirP populiacijos. Pastaraisiais metais abiejose atvirose populiacijose (LŽAP, LJAP) nustatytas vidutinis bulių naudojimo amžius – 5,5 ir 5,2.

2009 metais LŽSG_PKKirP ir LŽSG_PKK populiacijose buvo užfiksuotas didžiausias vidutinis karvių ir telyčių reprodukcinis amžius – atitinkamai 7,3 ir 7,2 metų. Tuo tarpu mažiausias vidutinis amžius buvo užfiksuotas 2021

metais – atitinkamai 3,3 ir 3,7 metų. Tokį senojo genotipo populiacijos patelių reprodukcinio amžiaus sumažėjimą sąlygojo karvių brokavimas dėl senatvės. Daugiausia prieauglio 2021 m. buvo gauta iš karvių, kurių amžius svyravo nuo 3,2 iki 5,2 metų, analizuojant visas pateiktas galvijų populiacijas. LJSG_PKKirP ir LJSG_PKK. karvių, naudojamų reprodukcijai, amžius padidėjo atitinkamai 7 ir 18 proc. Populiacijų struktūros pagal vidutinį karvių apsiveršiavimo skaičių analizė pateikta 3.1.5.3 lentelėje.

3.1.5.3 lentelė. Karvių pasiskirstymas pagal vidutinį apsiveršiavimų skaičių

Me- tai	Apsiveršiavimų skaičius, vnt.															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16
	LŽAP															
2005	6937	2923	1082	317	72	10	3	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	5974	2514	1007	361	107	27	3	–	1	–	–	–	–	–	–	–
2015	7324	3179	1297	433	105	19	1	1	–	–	–	–	–	–	–	1
2020	8870	5051	2129	729	219	43	8	3	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	8896	5560	2757	936	302	75	14	–	–	–	–	–	–	–	–	–
	LŽSG_PKKirP															
2005	31	8	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	12	1	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2015	19	8	4	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2020	15	8	9	3	1	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	22	14	7	3	1	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
	LŽSG_PKK															
2005	24	6	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	6	1	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2015	13	5	1	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2020	6	–	2	–	1	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	7	6	–	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
	LJAP															
2005	6451	856	165	43	10	2	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	7779	1561	360	77	11	3	1	–	1	1	–	–	–	–	–	–
2015	12308	4017	1088	290	45	8	1	–	–	–	–	–	–	–	1	2
2020	17083	9188	3962	1160	286	56	9	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	20721	11654	5267	1917	496	117	17	1	–	–	–	–	–	–	–	–
	LJSG_PKKirP															
2005	155	10	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	154	50	10	4	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2015	300	98	42	28	11	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2020	208	142	86	45	18	2	3	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	225	161	79	38	18	14	2	1	–	–	–	–	–	–	–	–

3.1.5.3 lentelės tęsinys

Metai	Apsiveršiamųjų skaičius, vnt.															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16
	LJSG_PKK															
2005	96	7	2	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2009	87	41	9	3	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2015	145	55	25	14	5	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2020	85	52	28	14	4	1	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
2021	57	38	17	14	2	1	–	1	–	–	–	–	–	–	–	–

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Populiacijų struktūros pagal vidutinį karvių apsiveršiamųjų skaičių 2021 m. LŽAP populiacijoje pasiskirstė sekančiai: 47,98 proc. sudarė karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą; antrąjį kartą – 29,99 proc.; 3-ąjį – 14,87 proc.; 4-ąjį – 5,95 proc.; 5-ąjį – 1,63 proc.; 6-ąjį – 0,04 proc.; 7-ąjį – 0,08 proc. LŽSG_PKKirP populiacijoje karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą sudarė 45,83 proc.; 2-ąjį – 29,17 proc.; 3-ąjį – 14,58 proc.; 4-ąjį – 6,25 proc.; 5-ąjį – 2,08 proc.; 6-ąjį – 2,08 proc. LŽSG_PKK populiacijoje apsiveršiamųjų skaičius pasiskirstė sekančiai: 50 proc. sudarė karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą; antrąjį – 42,86 proc.; 4-ąjį – 7,14 proc. LJAP populiacijoje pasiskirstė sekančiai: 51,56 proc. sudarė karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą; antrąjį – 29 proc.; 3-ąjį – 13,11 proc.; 4-ąjį – 4,77 proc.; 5-ąjį – 1,23 proc.; 6-ąjį – 0,29 proc.; 7-ąjį – 0,04 proc. LJSG_PKKirP populiacijoje karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą, sudarė 41,82 proc.; 2-ąjį – 29,93 proc.; 3-ąjį – 14,68 proc.; 4-ąjį – 7,06 proc.; 5-ąjį – 3,35 proc.; 6-ąjį – 2,60 proc. LJSG_PKK populiacijoje apsiveršiamųjų skaičius pasiskirstė sekančiai: 43,85 proc. sudarė karvės, kurios veršiamosi pirmą kartą; antrąjį – 29,23 proc.; 4-ąjį – 13,08 proc., 5-ąjį – 10,77 proc.

LŽAP populiacijoje 2005 m. karvės, kurios veršiamosi du ir daugiau kartų, sudarė 38,85 proc., o 2021 m. – 52,02 proc. LŽSG_PKKirP populiacijoje 2005 m. karvės, kurios veršiamosi du ir daugiau kartų, sudarė 24 proc.; o 2021 m. 54 proc.; LŽSG_PKK populiacijoje – atitinkamai 25 proc. ir 50 proc.

Palyginę analizuojamas veisles pagal skirtingų metų duomenis galime teigti, kad visų populiacijų struktūroje daugėja apsiveršiamųjų skaičius, išskyrus LŽSG_PKK populiaciją, kur apsiveršiamųjų skaičius, lyginant su 2005–2021m., sumažėjo daugiau nei 2 kartus.

2021 metų motininio sąstato analizė pagal karvių ir telyčių pasiskirstymą pagal amžių (3.1.5.4 lentelė) parodė, kad LŽAP populiacijoje didžiausią procentą (25,20 proc.) sudarė dviejų, 19,97 proc. – trejų metų karvės. LŽSG_PKK populiacijoje didžiausią procentą (26,67) sudarė trejų metų karvės, 20,00 proc. – keturių metų karvės, o LŽSG_PKK didžiausią procentą (33,33 proc.) sudarė trejų metų karvės. LJAP populiacijos analizė atskleidė, kad didžiausią dalį – 28 proc. – sudarė 2 metų karvės, o 3 metų karvių proporcija taip pat buvo reikšminga, sudarydama beveik 22 proc. LJSG_PKKirP ir LJSG_PKK galvijų analizė parodė, kad daugiausiai buvo 3 metų amžiaus karvių, atitinkamai 18,81 ir 20,77 proc.

3.1.5.4 lentelė. Karvių ir telyčių pasiskirstymas pagal amžių (2021 m.)

Patelių amžius (metais)	LŽAP	LŽSG_PKKirP	LŽSG_PKK	LJAP	LJSG_PKKirP	LJSG_PKK
	Karvių skaičius, vnt.					
1	3113	8	2	6198	36	5
2	4621	8	4	11145	103	15
3	3663	12	5	8513	101	27
4	2776	9	1	5571	74	18
5	1743	4	1	3656	64	12
6	1104	2	–	2193	41	14
7	628	–	–	1258	42	12
8	332	1	1	657	25	9
9	178	–	–	333	20	4
10	83	–	–	164	11	5
11	41	–	–	62	9	4
12	28	–	–	32	9	5
13	16	–	–	14	–	–
14	8	1	1	5	2	–
15	4	–	–	3	–	–
Viso	18338	45	15	39804	537	130
Vidutinis amžius	3,3	3,8	4,5	3,2	4,4	4,9

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Karvių pasiskirstymas pagal amžių parodė, kad atvirose populiacijose naudojamos jaunesnės karvės, todėl galime teigti, kad atviros populiacijos yra jaunesnės ir jas galima produktyviai panaudoti, nes kuo daugiau jaunų gyvulių, tuo didesnė tikimybė gauti daugiau palikuonių. Jauniausios karvės ir telyčios buvo nustatytos atvirose LŽAP ir LJAP populiacijose, kur karvių ir telyčių vidutinis amžius sudarė 3,3 ir 3,2 metus. LŽSG_PKK ir LJSG_PKK populiacijose nustatytas vidutinis amžius buvo didesnis, atitinkamai 4,5 ir 4,9 metai. 3.1.5.5 lentelėje pateikta bulių ir karvių intervalų tarp kartų nuo 2005 iki 2020 metų analizė.

3.1.5.5 lentelė. Bulių ir karvių intervalai tarp kartų, metais

Metai	LŽAP		LŽSG_PKKirP		LŽSG_PKK		LJAP		LJSG_PKKirP		LJSG_PKK	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀	♂	♀
2005	9,4	4,6	8,9	4,4	8,6	4,0	8,2	4,2	9,3	4,6	10,1	4,7
2009	8,5	4,4	14,2	7,8	16,6	7,7	8,7	4,3	9,7	5,6	10,7	6,3
2015	7,8	4,0	10,1	3,8	15,5	4,0	7,4	4,0	4,7	3,8	5,5	4,5
2020	5,8	3,4	–	–	–	–	5,1	3,4	–	–	–	–

Pastaba: ♂ – buliai, ♀ – karvės.

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Per penkiolikos metų laikotarpį nustatytas vidutinis kartų intervalas atvirose populiacijose (LŽAP ir LJAP) sumažėjo tolygiai: bulių – 38 proc., karvių – atitinkamai 26 ir 19 proc. Per analizuojamus metus LŽSG_PKKirP ir LŽSG_PKK veislių populiacijose bulių kartų intervalas padidėjo atitinkamai 13 ir 80 proc., o LJSG_PKKirP ir LJSG_PKK bulių intervalas tarp kartų sumažėjo atitinkamai 50 ir 46 proc.

3.1.6. Įvaisis laisnio, koeficiento ir efektyvumo rodiklio analizė

Visų populiacijų vidutinis įvaisis koeficientas buvo apskaičiuotas dviem būdais ir pateiktas 3.1.6.1 lentelėje pagal visų gyvūnų ir gyvūnų su įvaisa skaičių.

3.1.6.1 lentelė. Vidutinis įvairovės koeficientas (2021m.)

Įvairovės koeficientas (F)		LŽAP	LŽSG_PKKirP	LŽSG_PKK	LJAP	LJSG_PKKirP	LJSG_PKK
Pagal visus gyvūnus	N	19010	48	15	41226	551	135
	Min	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	Max	0,4922	0,3750	0,3750	0,4886	0,04531	0,2920
	Avg	0,0265	0,0129	0,0370	0,0369	0,0416	0,0507
	Std	0,0701	0,0557	0,0971	0,0384	0,0777	0,0631
Pagal gyvūnus su įvaisa	N	18595	26	6	40820	504	128
	Min	0,000	0,0001	0,0044	0,000	0,000	0,0002
	Max	0,4922	0,3750	0,3750	0,4886	0,4531	0,2920
	Avg	0,0271	0,0238	0,0924	0,0372	0,0455	0,0535
	Std	0,0708	0,0746	0,1423	0,0385	0,0801	0,0636

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Kaip matyti iš 3.1.6.1 lentelės duomenų, vidutinis įvairovės koeficientas (F) pagal visus gyvūnus LŽSG_PKK buvo 2,4 proc. aukštesnis nei LŽSG_PKKirP; LJSG_PKK – 0,91 proc. aukštesnis nei LJSG_PKKirP, o LJAP buvo 1 proc. aukštesnis nei LŽAP. Aukščiausias giminystės koeficientas buvo rastas LJSG_PKK, šiek tiek mažesnis – LŽSG_PKK, o žemiausias – LŽAP ir LJAP. Apžvelgdami rezultatus matome, kad nustatyti ryškūs rezultatų skirtumai, analizuojant vidutinį įvairovės koeficientą pagal gyvūnų su įvaisa skaičių senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijoje: šis rodiklis siekė 2,38 proc., o iš jų galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių – 9,2 proc. Ta pati tendencija nustatyta ir senojo genotipo Lietuvos juodmargių galvijų populiacijoje, tik rezultatų skirtumai ne tokie ryškūs. Atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų rodiklis siekė 2,71 proc., o atviros populiacijos juodmargių galvijų – 3,72 proc.

Atlikę įvairovės laipsnio pasiskirstymo analizę pagal karvių skaičių 2021 metais (3.1.6.2 lentelė) nustatėme, kad galvijų, turinčių 0–5 proc. įvairovės laipsnį LŽAP populiacijoje buvo 91,83 proc., LŽSG_PKK – 86,66 proc., o LŽSG_PKKirP – 95,84 proc. 2021 metais iš viso buvo analizuojama 19010 atviros populiacijos galvijų, iš kurių 8,17 proc. turėjo didesnę nei 5 proc. įvairovės laipsnį. Didžiausią dalį (2,49 proc.) turėjo nuo 26 iki 30 proc. įvairovės laipsnį. Iš viso buvo ištirta 15 ir 45 LŽSG_PKK ir LŽSG_PKKirP galvijų, iš kurių atitinkamai 13,32 ir 4,16 proc. turėjo didesnę nei 5 proc. įvairovės laipsnį.

LJAP populiacijoje gyvūnų, turinčių 0–5 proc. įvaisos laipsnį, proporcija sudarė 86,93 proc. Iš viso buvo išanalizuota 41139 gyvūnai, iš kurių 13,06 proc. turėjo didesnę nei 5 proc. įvaisos laipsnį Didžiausią dalį (10,41 proc.) sudarė gyvūnai, kurių įvaisos laipsnis svyravo nuo 6 iki 10 proc. LJS_G_PKK grupėje gyvūnų, turinčių 0–5 proc. įvaisos laipsnį, proporcija sudarė 67,40 proc. Išanalizuoti 135 gyvūnai, iš kurių 44 (32,57 proc.) turėjo įvaisos laipsnį didesnę nei 5 proc. Didžiausią dalį (17,03 proc.) sudarė gyvūnai su įvaisos laipsniu nuo 6 iki 10 proc. Tuo tarpu LJS_G_PKK_{irP} grupėje gyvūnų, turinčių 0–5 proc. įvaisos laipsnį, proporcija sudarė 80,76 proc. Išanalizuotas 551 gyvūnas, iš kurių 106 (19,24 proc.) turėjo įvaisos laipsnį didesnę nei 5 proc. Didžiausią dalį gyvūnų su įvaisa (8,53 proc.) sudarė tie, kurių įvaisos laipsnis svyravo nuo 6 iki 10 proc.

3.1.6.2 lentelė. Įvaisos laipsnio ir karvių skaičiaus pasiskirstymas (2021m.)

Įvaisos laipsnis, proc.	LŽAP	LŽSG_PKK _{irP}	LŽSG_PKK	LJAP	LJS _G _PKK _{irP}	LJS _G _PKK
	Karvių skaičius, vnt.					
0–5	17457	13	46	35837	91	445
6–10	324	1	1	4290	23	47
11–15	214	–	–	257	10	14
16–20	77	–	–	208	5	6
21–25	73	–	–	383	1	13
26–30	473	–	–	32	5	15
31–35	82	–	–	104	–	3
36–40	169	1	1	26	–	6
41–45	104	–	–	2	–	1
46–50	37	–	–	–	–	1

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKK_{irP} – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJS_G_PKK_{irP} – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJS_G_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Norint įvertinti populiacijų būklę, labai svarbus veiksnys yra efektyvumo rodiklis *Ne*. Šio rodiklio įvertinimas padeda užtikrinti genetinės įvairovės išsaugojimą, taip pat užtikrinti ilgalaikį populiacijų tvarumą. Atlikus 2005–2021 metų *Ne* pokyčio analizę (3.1.6.3 lentelė) nustatyta, kad *Ne* (pagal tėvų skaičių) didžiausias neigiamas rodiklio pokytis rastas LŽSG_PKK populiacijoje. Efektyvumo rodiklis per analizuojamus metus sumažėjo daugiau nei 3 kartus, ir 2021 m. buvo kritiškai žemas (42).

3.1.6.3 lentelė. Populiacijų efektyvumo rodikliai *Ne* (2005–2021m.)

Rodiklis	Metai	LŽAP	LŽSG_PKKirP	LŽSG_PKK	LJAP	LJSG_PKKirP	LJSG_PKK
<i>Ne</i> (ΔF)	2005	90	–	–	–	171	100
	2009	–	195	168	–	659	219
	2015	100	253	95	217	46	42
	2020	67	106	70	211	25	27
	2021	68	103	59	462	23	23
<i>Ne</i>	2005	2857	164	138	6209	468	305
	2009	2985	156	107	5585	442	298
	2015	3954	150	71	4962	746	342
	2020	3923	117	50	4640	659	204
	2021	3855	107	42	4449	633	163

Ne (ΔF) – efektyvumo rodiklis pagal įvaiso laipsnį; *Ne* – efektyvumo rodiklis pagal tėvų skaičių.

LŽAP – Lietuvos žalieji galvijai atvira populiacija; LŽSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LŽSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai (pagrindinis KK skyrius); LJAP – Lietuvos juodmargių galvijų atvira populiacija; LJSG_PKKirP – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai galvijai (pagrindinis ir papildomas KK skyriai); LJSG_PKK – senojo genotipo Lietuvos juodmargiai (pagrindinis KK skyrius).

Lyginant tarpusavyje senojo genotipo populiaciją su galvijų populiacija, įrašyta į pagrindinį KK skyrių, pastarosios rodiklis buvo nustatytas 2,5 karto mažesnis. Atviros populiacijos žalųjų galvijų *Ne* (pagal tėvus) buvo 3855 2021 m. *Ne* (pagal įvaiso laipsnį) analizė parodė, kad atviros populiacijos žalųjų galvijų *Ne* buvo 1,5 karto mažesnis nei senojo genotipo. Lyginant senojo genotipo galvijus su galvijų populiacija, įrašyta į pagrindinį KK skyrių, buvo nustatyta, kad pastarųjų rodiklis beveik 1,7 karto mažesnis nei populiacijos, įrašytos ir pagrindinį ir papildomą KK skyrius.

3.2. Fenotipinių duomenų analizė

3.2.1. Pieno produktyvumo rodiklių įvertinimas

Žalųjų ir žalmargių bei senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų melžiamų karvių skaičiaus ir produktyvumo duomenys pateikiami 3.2.1.1 lentelėje.

3.2.1.1 lentelė. Žalųjų ir žalmargių populiacijos bei senojo genotipo Lietuvos žaliųjų karvių skaičius ir jų vidutinis produktyvumas (Apyskaitų Nr. 70 ir 84 duomenys)

Veislės	Karvių skaičius, vnt.		Pienas, kg		Riebalai, proc.				Baltymai, proc.			
	2004–2005	2020–2021	2004–2005	2020–2021	2004–2005		2020–2021		2004–2005		2020–2021	
			kg	kg	proc.	kg	proc.	kg	proc.	kg	proc.	kg
Žalųjų ir žalmargių populiacija:	48911	34256	5181	8651	4,52	234	4,32	373	3,48	180	3,50	303
Lietuvos žaliųjų	46912	28772	5141	8453	4,51	232	4,34	367	3,48	179	3,50	296
Anglėrų	254	474	5793	8848	4,72	273	4,31	381	3,58	207	3,59	318
Danijos žaliųjų	296	460	5813	9742	4,74	276	4,17	406	3,58	208	3,49	340
Latvijos dvylijų	–	11	–	7794	–	–	4,12	321	–	–	3,61	281
Vokietijos žalmargių	334	179	5489	8669	4,39	241	4,20	364	3,31	182	3,52	305
Airšyrų	511	1829	5974	10226	4,79	286	4,16	425	3,51	210	3,52	359
Švicų	43	13	5822	9570	4,24	247	4,30	412	3,37	196	3,49	334
Švedijos žalmargių	454	93	7138	9260	4,58	327	4,29	397	3,53	252	3,49	324
Estijos žaliųjų	–	9	–	6410	–	–	4,70	301	–	–	3,47	223
Holšteinų	105	1412	6254	9886	4,00	250	4,20	415	3,41	213	3,47	343
Simentalių	–	141	–	8096	–	–	4,41	357	–	–	3,45	279
Norvegijos	–	1	–	3879	–	–	5,30	205	–	–	4,30	167
Olandijos	–	18	–	9961	–	–	4,11	409	–	–	3,38	336
Senojo genotipo Lietuvos žaliųjų	–	50	–	8330	–	–	4,60	383	–	–	3,60	300

2020–2021 metais Lietuvos žалуjų galvijų ir jiems gerinti naudotų veislių populiacijoje buvo laikoma 28772 karvės. Jų vidutinis produktyvumas buvo 8453 kg 4,34 proc. riebumo ir 3,50 proc. baltymingumo pieno. Lyginant su 2004–2005 metais, karvių skaičius sumažėjo 38,67 proc., pieningumas padidėjo 3312 kg arba 64 proc. 2020–2021 m. senojo genotipo Lietuvos žалуjų galvijų populiacijoje buvo laikoma 50 karvių, kurių produktyvumas 8330 kg, 4,60 proc. riebumo ir 3,60 proc. baltymingumo pieno. Kadangi 2005 metais apyskaitose ši veislė dar nebuvo fiksuojama kaip atskira veislė, palyginome su 2010–2011 metais. Per šį laikotarpį karvių skaičius sumažėjo 19,35 proc., o pieningumas padidėjo 3291 kg. Senojo genotipo pagrindiniame KK skyriuje, į kurį įrašomi tik grynuoju būdu gauti gyvūnai, produktyvumas siekė 5440 kg, riebalai – 4,19 proc., baltymai – 3,49 proc. [1, 28].

Atviros populiacijos ir senojo genotipo Lietuvos žалуjų karvių pieno produktyvumo rodikliai (kiekis, riebalų ir baltymų kiekis) pateikti 3.2.1.2 ir 3.2.1.3 lentelėse. 3.2.1.2 lentelės 1 dalyje pateikiami atviros populiacijos Lietuvos žалуjų galvijų duomenys, 2 dalyje – šiuo metu veisiamos atviros Lietuvos žалуjų galvijų populiacijos duomenys. ŽH veislė yra nustatyta kaip dominuojanti abiejų genotipų atvejais, todėl atskirų genotipų palyginimui ŽH karves pasirinkome atskaitos grupe. Populiacijos gerinimui skirtingų veislių genotipai turėjo didelę įtaką visiems analizuotiems produktyvumo požymiams ($p < 0,001$).

Remiantis 3.2.1.2 lentelės 1 dalies duomenimis ir analizuojant karvių, gimusių iki 2010 metų (25–50 proc.), genotipo produktyvumo duomenis nustatyta, kad ŽH pasižymėjo didžiausiu pieno kiekiu per laktaciją ($p < 0,05$, $p < 0,001$), tačiau lyginant su HOL, ŽH pieno kiekis buvo 120,33 kg mažesnis ($p < 0,005$). Analizuojant ≥ 50 proc. genotipo karvių duomenis nustatyta, kad ŽH ir HOL veislės karvės buvo produktyvesnės už kitų veislių karves. Palyginti su ŽH, AN veislės karvės davė 28,19 proc. mažiau pieno, DŽ – 26,03 proc., NEŽ – 20,93 proc., ŠŽ – 9,75 proc., o HOL – tik 4,19 proc. mažiau ($p < 0,001$, $p < 0,005$) pieno.

Analizuojant nuo 2011 metų gimusių ŽH veislės 25–50 proc. genotipo karvių pieno kiekį per laktaciją, nustatyta, kad jis buvo 11,39 proc. mažesnis nei HOL veislės karvių ($p < 0,001$) ir 4,97 proc. mažesnis nei DŽ veislės karvių ($p < 0,01$).

Subgrupėje, kurioje karvių kraujo laipsnio dalis viršija 50 proc., didžiausiu produktyvumu išsiskyrė HOL veislės karvės ($p < 0,001$). Antroje vietoje pagal produktyvumą buvo ŽH veislė, kuri buvo 21,58 proc. produktyvesnė už DŽ, 11,64 proc. – už ŠŽ, 16,60 proc. – už NEŽ ($p < 0,001$), ir 23,53 proc. – už ŠV ($p < 0,005$) veislės karves.

HOL, ŠŽ, ŠV ir NEŽ veislių karvių kraujo laipsniui viršijant 50 proc., nebuvo pastebėtas produktyvumo padidėjimas, jų produktyvumas buvo net mažesnis, atitinkamai 375,68 kg, 466,61 kg, 636,66 kg ir 572,22 kg, lyginant

su to paties laikotarpio karvėmis, turinčiomis iki 50 proc. šių veislių kraujo ($p < 0,001$). Tai rodo, kad didesnis kraujo laipsnio procentas gali turėti įtakos pieno produktyvumui. Skirtingai nuo kitų veislių, ŽH ir AI kraujo laipsnio didėjimas padidino ir pieno kiekį. Karvių, priklausančių ŽH genotipui, pieno kiekis padidėjo 390,70 kg, lyginant 25–50 proc. ir 50 ir daugiau proc. genotipo karvių produktyvumą ($p < 0,001$).

ŽH veislės 25–50 proc. genotipo karvės, gimusios iki 2010 metų, per laktaciją davė didžiausią pieno riebalų kiekį, kuris viršijo kitų veislių riebalų kiekį: AN – 43,42 kg, DŽ – 36,14 kg, HOL – 8,39 kg, ŠŽ – 13,83 kg, ŠV – 31,24 kg ir NEŽ – 50,26 kg ($p < 0,001$). Be to, didėjant ŽH kraujo laipsniui, šios veislės karvės davė didžiausią riebalų kiekį, kuris buvo didesnis už kitų veislių: AN – 76,39 kg, DŽ – 76,71 kg, NEŽ – 69,02 kg, ŠŽ – 27,43 kg ($p < 0,001$).

Analizuojant nuo 2011 metų gimusių karvių pieno riebalų kiekio duomenis pagal genotipus nustatyta, kad ≥ 50 proc. genotipo ŽH karvių piene riebalų kiekis padidėjo 4,45 proc. ($p < 0,001$), lyginant su 25–50 proc. genotipo karvių pienu.

ŽH veislės 25–50 proc. genotipo karvės, gimusios iki 2010 metų, per laktaciją davė didžiausią pieno baltymų kiekį, kuris viršijo kitų veislių: AN veislės karvių – 34,67 kg, NEŽ – 34,72 kg, DŽ – 24,76 kg, ŠV – 18,51 kg ir ŠŽ – 7,42 kg ($p < 0,001$). Be to, didėjant ŽH kraujo laipsniui, šios veislės karvės davė didžiausią baltymų kiekį, kuris buvo didesnis už: AN – 60,90 kg, DŽ – 56,65 kg, NEŽ – 49,02 kg ir ŠŽ – 19,71 kg ($p < 0,001$).

Nuo 2011 metų, padidėjus pieno kiekiui, buvo stebimas ir bendro baltymų kiekio padidėjimas per laktaciją. Lyginant po 2011 metų gimusias karves ir jų genotipus tarp 25–50 proc. ir ≥ 50 proc., ŽH kraujo dalies karvių pieno baltymų kiekis padidėjo 5,19 proc. ($p < 0,001$). Tuo tarpu kitų genotipų karvės, kurios davė mažesnę pieno kiekį, pasižymėjo atitinkamai mažesniu baltymų kiekiu ($p < 0,001$).

Pagal 3.2.1.2 lentelės 2 dalyje pateiktus šiuo metu veisiamos Lietuvos ža-
lųjų galvijų populiacijos duomenis ir analizuojant karves su 25–50 proc. ge-
notipu nustatyta, kad didžiausią pieno kiekį per laktaciją davė HOL veislės
karvės. Lyginant su ŽH veisle, iš HOL karvių buvo primelžta 11 proc. daugiau
pieno ($p < 0,001$). Tačiau, analizuojant pieno kiekio pokytį, didėjant veislės
kraujo daliai pastebėta, kad HOL veislės karvių pieno kiekis sumažėjo 187,08
kg ($p < 0,05$), tuo tarpu ŽH veislės karvių – padidėjo 383,27 kg ($p < 0,001$).
Nepaisant to, iš HOL veislės karvių vis dar buvo primelžta 4,46 proc. daugiau
pieno nei iš ŽH veislės karvių ($p < 0,001$).

Ta pati tendencija pastebėta ir analizuojant pieno baltymų bei riebalų kie-
kį. Didėjant HOL kraujo daliai, baltymų kiekis sumažėja 2,7 proc., ($p < 0,05$),
o riebalų – 3,6 proc. ($p < 0,001$). Tuo tarpu ŽH veislės karvių baltymų kiekis
padidėja 4,9 proc., o riebalų – 5,9 proc. ($p < 0,001$).

3.2.1.2 lentelė. Atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų karvių produktyvumo rodiklių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	1. LŽAP								2. Šiuo metu veisiama LŽAP			
	Karvės, gimusios iki 2010 m.				Karvės, gimusios nuo 2011 m.							
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.
KIEKIS, kg												
Žalmargių holšt. (ŽH)	8188	6402,98±20,92e,a,E'	6448	6963,08±23,57a,e,E''	4505	7713,52±28,20e,c,F'	15119	8104,22±15,39a,e,F''	832	7618,32±74,08a,e,E	4248	8001,59±32,79a,e,F
Airšyrų (AI)	673	6453,99±72,96E'	39	6706,20±303,07E''	1441	7898,74±49,86f,F'	401	7914,36±94,52b,F''	374	7900,06±110,50b	130	8058,66±187,42b
Anglerų (AN)	2115	5279,82±41,15f	118	4999,71±174,23f	6	5719,32±772,67d	–	–	6	5719,32±872,38b	–	–
Danijos žal. (DŽ)	4456	5578,24±28,35f,E,E'	1653	5150,83±46,55f,F	199	8117,45±134,17d,F'	2	6355,60±1338,31	46	8400,59±315,07b	2	5692,85±1511,01
Holšteinų (HOL)	1456	6523,31±49,45b,E'	713	6671,30±70,88f,E''	3515	8705,42±31,92f,F',E*	3607	8329,74±31,51f,F'',F*	1140	8561,97±63,29f,A	1404	8374,89±57,03f,B
Nežinomas (NEŽ)	7162	5416,17±22,36f,A,E'	2682	5505,46±36,55f,B,E''	614	7331,32±76,38f,F',E*	3083	6759,10±34,09f,F'',F*	223	7594,78±143,10E	1022	6429,87±66,84f,F
Švedijos žal. (ŠŽ)	7477	6136,05±21,89f,E,E'	2899	6283,68±35,15d,F,E''	2408	7627,41±38,57,F',E*	1811	7160,80±44,48f,F'',F*	329	7146,49±117,81f	151	6754,84±173,90f
Švicų (ŠV)	1358	5787,48±51,36f	10	5558,12±598,51	231	6833,47±124,53f,A*	46	6196,81±279,06f,B*	27	5930,08±411,25f	13	6354,71±592,67b
Vidurkis		5924,50±10,82		6321,80±16,26		7959,40±17,26		7887,78±12,65		7954,12±40,70		7816,65±26,60
RIEBALAI, kg												
Žalmargių holšt. (ŽH)	8188	286,12±0,96e,E,E'	6448	307,07±1,08e,F,E''	4505	336,84±1,29e,F',E*	15119	352,55±0,71e,F'',F*	832	332,28±3,32a,e,E	4248	349,71±1,47c,a,e,F
Airšyrų (AI)	673	282,63±3,34E'	39	291,40±13,88	1441	345,40±2,28f,F'	401	343,88±4,33	374	341,19±4,95	130	359,20±8,39d
Anglerų (AN)	2115	242,70±1,88f	118	230,68±7,98f	6	254,32±35,38b	–	–	6	254,32±39,06b	–	–
Danijos žal. (DŽ)	4456	249,98±1,30f,E	1653	230,36±2,13f,F	199	355,69±6,14d	2	240,95±61,28	46	369,28±14,11b	2	237,45±67,65
Holšteinų (HOL)	1456	277,73±2,26f,A,A'	713	285,69±3,25B,E''	3515	371,12±1,46f,B',E*	3607	357,05±1,44f,F'',F*	1140	369,58±2,83f,A	1404	359,79±2,55f,B
Nežinomas (NEŽ)	7162	235,86±1,024f	2682	238,05±1,67f,E''	614	311,99±3,50f,E*	3083	286,13±1,56f,F'',F*	223	322,14±6,41E	1022	272,62±2,99f,F
Švedijos žal. (ŠŽ)	7477	272,29±1,0f,E,E'	2899	279,64±1,61f,F,E''	2408	332,55±1,77f,F',E*	1811	315,79±2,04f,F'',F*	329	309,81±5,28f	151	296,55±7,79f
Švicų (ŠV)	1358	254,88±2,35f,E'	10	280,47±27,40	231	304,00±5,70f,F',C*	46	260,80±12,78f,D*	27	256,23±18,41f	13	266,01±26,54b
Vidurkis		262,61±0,49		278,46±0,74		344,81±0,79		341,62±0,58		344,16±1,83		339,28±1,20
BALTYMAI, kg												
Žalmargių holšt. (ŽH)	8188	219,18±0,72e,E,E'	6448	236,43±0,82e,F,E''	4505	270,46±0,98e,c,a,F',E*	15119	285,29±0,53a,e,F'',F*	832	267,97±2,65a,c,E	4248	283,94±1,18c,e,F
Airšyrų (AI)	673	220,44±2,53E'	39	231,73±10,50	1441	278,23±1,73f,F'	401	278,74±3,27b	374	280,25±3,96b	130	290,38±6,71d
Anglerų (AN)	2115	184,51±1,43f	118	175,53±6,04f	6	198,75±26,76d	–	–	6	198,75±31,23b	–	–
Danijos žal. (DŽ)	4456	194,42±0,98f,E,E'	1653	179,78±1,61f,F	199	289,08±4,65f,F'	2	228,25±46,35	46	303,25±11,28d	2	198,90±54,10
Holšteinų (HOL)	1456	216,80±1,71E'	713	219,98±2,46E''	3515	299,65±1,11f,F',E*	3607	283,68±1,09f,F'',F*	1140	299,48±2,27f,E	1404	288,79±2,04f,F
Nežinomas (NEŽ)	7162	184,46±0,78f,A,F'	2682	187,41±1,27f,B,E''	614	254,62±2,65f,F',E*	3083	231,63±1,18f,F'',F*	223	265,11±5,12E	1022	220,99±2,39f,F
Švedijos žal. (ŠŽ)	7477	211,76±0,76f,E,E'	2899	216,72±1,22f,F,E''	2408	267,09±1,34b,F',E*	1811	251,63±1,54f,F'',F*	329	251,49±4,22f	151	239,48±6,23f
Švicų (ŠV)	1358	200,67±1,78f	10	204,29±20,73	231	236,34±4,31f,A*	46	210,74±9,67f,B*	27	201,26±14,72f,E	13	218,31±21,22,F
Vidurkis		203,51±0,37		215,71±0,56		277,53±0,60		275,00±0,44		279,34±1,46		274,70±1,0

Pastabos: a–b; A–B; A'–B'; A*–B* – $p < 0,05$; c–d; C–D; C''–D'' – $p < 0,01$; e–f; E–F; E'–F'; E''–F''; E*–F* – $p < 0,001$

Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų karvių produktyvumo rodiklių įvertinimas pagal atskirus genotipus pateiktas 3.2.1.3 lentelėje.

3.2.1.3 lentelė. Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų karvių produktyvumo rodiklių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.				p
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	
Kiekis, kg					
Anglerų (AN)	22	4626,46±213,84	18	4571,91±236,41	0,95
Danijos žaliųjų (DŽ)	19	4633,04±230,10	18	4571,91±236,41	
Lietuvos žaliųjų (LŽ)	19	4633,04±230,10	18	4571,91±236,41	
Nežinoma (NEŽ)	25	4631,78±200,60	7	5064,29±379,09	
Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų (LŽSG)	–	–	11	4258,57±302,41	
Švicų (ŠV)	8	4462,68±354,61	5	4848,81±448,55	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	4	5235,43±501,50	7	4381,08±379,09	
Vidurkis		4642,01±100,14		4572,49±107,61	
Riebalai, kg					
Anglerų (AN)	22	205,04±10,42	18	197,46±11,52	0,93
Danijos žaliųjų (DŽ)	19	207,07±11,21	18	197,46±11,52	
Lietuvos žaliųjų (LŽ)	19	207,07±11,21	18	197,46±11,52	
Nežinoma (NEŽ)	25	202,52±9,78	7	219,77±18,48	
Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų (LŽSG)	–	–	11	183,26±14,74	
Švicų (ŠV)	8	184,93±17,28	5	226,56±21,86	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	4	203,65±24,44	7	199,06±18,48	
Vidurkis		203,47±4,89		199,33±5,25	
Baltymai, kg					
Anglerų (AN)	22	165,15±7,88	18	166,72±8,72	0,89
Danijos žaliųjų (DŽ)	19	164,63±8,48	18	166,72±8,72	
Lietuvos žaliųjų (LŽ)	19	164,63±8,48	18	166,72±8,72	
Nežinoma (NEŽ)	25	164,08±7,40	7	184,66±13,98	
Senajo genotipo Lietuvos žaliųjų (LŽSG)	–	–	11	155,31±11,15	
Švicų (ŠV)	8	148,63±13,07	5	185,85±16,54	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	4	176,05±18,49	7	164,86±13,98	
Vidurkis		163,76±3,7		167,70±3,98	

Analizuojant 25–50 proc. genotipo karvių duomenis nustatyta, kad mažiau pienu kiekiu per laktaciją pasižymėjo AN karvės. Analizuojant ≥ 50 proc. genotipo karvių duomenis nustatyta, kad AN, DŽ ir LŽ veislės karvės davė tokį patį pieno kiekį per laktaciją – 4571,91 kg. Senajo genotipo LŽ veislės karvės davė mažiausią pieno kiekį per laktaciją (4258,57 kg), ir tai buvo 313,34 kg mažiau nei AN, DŽ ir LŽ veislių karvių pieno kiekis per laktaciją.

Senajo genotipo LŽ karvės su ≥ 50 proc. genotipu davė mažiausią riebalų ir baltymų kiekį – atitinkamai 183,26 kg ir 184,66 kg.

3.2.2. Karvių eksterjero požymių tyrimo rezultatai

Karvių eksterjero požymiai (kūno bendrojo išsivystymo, galūnių ir tešmens) pateikti 3.2.2.1–3.2.2.2 lentelėse. Analizė buvo atlikta naudojant tą pačią metodiką, kaip ir produktyvumo rodiklių įvertinime.

Kūno bendrojo išsivystymo požymiai. Remiantis 3.2.2.1 lentelės 1 dalies duomenimis, analizuojant iki 2010 metų gimusių karvių duomenis nustatyta, kad karvių 25–50 proc. genotipo grupėje aukščiausios buvo HOL karvės. Vėlesniais metais jų ūgis taip pat padidėjo 1,12 cm. Žemiausios buvo AN veislės kraujo turinčios karvės ($p < 0,001$). ŽH karvės buvo aukštesnės už AN veislės karves 3,27 cm; už NEŽ – 3,06 cm; už ŠŽ – 2,3 cm; už DŽ – 2,17 cm ir AI – 1,31 cm ($p < 0,001$). Pastebėta, kad didėjant ŽH kraujo laipsniui, karvių aukštis vidutiniškai padidėja 1,63 cm ($p < 0,001$). Tuo tarpu DŽ ir ŠŽ kraujo laipsnio didėjimas atitinkamai jų aukštį sumažino 2,33 cm ir 0,65 cm ($p < 0,001$). Tačiau HOL ir NEŽ karvių aukštis padidėjo atitinkamai 1,17 cm ir 1,12 cm ($p < 0,05$ ir $p < 0,01$).

Karvės, gimusios po 2011 metų, buvo aukštesnės už tas, kurios gimė iki 2010 metų ($p < 0,001$). Nustatyta, kad didėjant veislės kraujo laipsniui (≥ 50 proc.), ŽH karvių aukštis padidėjo 1,19 cm, tuo tarpu ŠŽ karvių aukštis sumažėjo 1,21 cm ($p < 0,001$).

Nustatyta, kad karvės, gimusios iki 2010 metų ir turinčios 25–50 proc. ŽH kraujo, buvo 0,15 balo aukščiau įvertintos pagal kūno gylį nei ŠŽ ($p < 0,001$) ir 0,14 punkto aukščiau nei NEŽ kilmės karvės ($p < 0,01$). Karvės, turinčios ≥ 50 proc. ŽH kraujo, buvo aukščiau įvertintos ne tik už ŠŽ, bet ir už DŽ veislės karves.

Po 2011 metų gimusių ŽH karvių kūno gylis buvo įvertintas žemesniu balu nei ankstesniais metais gimusių, nepriklausomai nuo vyraujančio kraujo laipsnio: genotipe 25–50 proc. balas buvo mažesnis 0,37 punkto, o ≥ 50 proc. genotipe – mažesnis 0,25 punkto ($p < 0,001$). Tačiau jų kūno gylis buvo aukščiau įvertintas, lyginant su AI (0,17 punkto) ir ŠŽ (0,25 punkto) veislių karvėmis, bet žemesnis nei HOL (0,43 punkto) veislės karvių ($p < 0,001$). Karvės, turinčios daugiau nei 50 proc. HOL kraujo laipsnio dalį ir gimusios po 2011 metų, demonstravo vidutinio balo vertinimo padidėjimą, kas rodo, jog šios grupės karvės buvo 0,23 punkto geriau įvertintos nei ankstesnių metų gimimo karvės ($p < 0,01$). Tuo tarpu karvėms, turinčioms 25–50 proc. ir ≥ 50 proc. ŠŽ kraujo dalį, nustatytas balo už kūno gylio 0,31 punkto sumažėjimas ($p < 0,01$). Taip pat buvo nustatytas 0,13 punkto balų sumažėjimas karvėms, turinčioms atitinkamai 25–50 proc. ir ≥ 50 proc. ŽH vyraujančio kraujo dalį ($p < 0,001$).

3.2.2.1 lentelė. Atviros populiacijos Lietuvos žалуjų karvių kūno bendrojo išsivystymo požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	1.LŽAP								2.Šiuo metu veisiama LŽAP			
	iki 2010 metų gimusios karvės				nuo 2011 metų gimusios karvės							
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.
Aukštis, cm												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	138,59±0,1 e,c,a,E,E'	2198	140,22±0,09e,F,E''	4120	141,97±0,07e,a,E*,F'	14210	143,16±0,04e,F*,F''	672	142,53±0,17e,E	4286	143,50±0,07e,F
Airšyrų (AI)	218	137,28±0,3f,E'	3	139,33±2,54f	1839	141,73±0,10 F'	518	141,02±0,19f	514	142,31±0,2	173	141,62±0,33f
Anglerų (AN)	353	135,32±0,23f,E'	13	133,46±1,22f	1	140±4,40 F'	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	136,42±0,14f,E,E'	221	134,09±0,3f,F	129	140,85±0,39 F'	1	138±4,401	14	142,14±1,17	1	138±4,39
Holšteinų (HOL)	143	139,62±0,37d,A,E'	90	140,79±0,46 B,E''	2090	144,44±0,1 f,F',E*	2250	145,55±0,09f,F'',F*	768	145,96±0,16f,C	973	146,52±0,14f,D
Nežinomas (NEŽ)	603	135,53±0,18f,C,E'	139	136,65±0,37f,D,E''	402	143,02±0,22f,F',E*	1370	142,68±0,2f,F'',F*	155	144,18±0,35f	443	144,31±0,21f
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	136,29±0,1f,E'	1229	135,64±0,13f,E''	2183	140,74±0,09f,F',E*	1814	139,53±0,10f,F'',F*	287	141,80±0,26C	96	140,27±0,45f,D
Švicų (ŠV)	225	137,92±0,29b,E'	2	134,50±3,11A''	56	140,75±0,59 b,F'	11	141,46±1,33 B''	7	142±1,66	3	143,33±2,54
Vidurkis		137,10±0,06		138,29±0,07		142,18±0,05		143,01±0,03		143,46±0,09		144,01±0,06
Kūno gylis, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	6,09±0,03 c,e,E'	2198	6,10±0,02 e,E''	4120	5,72±0,02 e,F',E*	14210	5,85±0,01 e,b,F'',F*	672	5,67±0,04c,a,e	4286	5,73±0,02e,c
Airšyrų (AI)	218	6,10±0,08,E'	3	6,33±0,66	1839	5,55±0,03 f,F',E*	518	5,29±0,05 f,F*	514	5,47±0,05d	173	5,32±0,09f
Anglerų (AN)	353	6,14±0,06	13	6,08±0,32	1	7,000±1,14	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	6,02±0,04 A,A'	221	5,84±0,08 f,B	129	5,77±0,10B'	1	4±1,14	14	6,29±0,31b	1	4±1,14
Holšteinų (HOL)	143	6,06±0,1	90	6,03±0,12 C''	2090	6,15±0,03 f,E*	2250	6,38±0,02 f, D'',F*	768	6,30±0,04f,A	973	6,42±0,04f,B
Nežinomas (NEŽ)	603	5,95±0,05 d	139	6,09±0,1	402	5,91±0,06	1370	5,93±0,03 b	155	5,93±0,09b	443	5,91±0,05d
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	5,94±0,03 f,E,E'	1229	5,80±0,03 f,F,E''	2183	5,47±0,02 f,F',E*	1814	5,16±0,03 f,F'',F*	287	5,44±0,07d	96	5,41±0,12d
Švicų (ŠV)	225	6,12±0,08 E'	2	6±0,81	56	5,54±0,15 F'	11	5±0,35 b	7	5,43±0,43	3	6,67±0,66
Vidurkis		6,02±0,01		5,99±0,02		5,73±0,01		5,84±0,01		5,80±0,02		5,84±0,02
Užpakalio kampas, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	4,84±0,02 a,e,E,E''	2198	4,66±0,02 e,a,c,F,E''	4120	5,16±0,02e,a,F''	14210	5,13±0,1e,c,F''	672	5,11±0,04a,e	4286	5,12±0,02c,e
Airšyrų (AI)	218	4,99±0,07 b,E'	3	5,67±0,60	1839	5,30±0,02f,F'	518	5,33±0,05f	514	5,26±0,05b,A	173	5,34±0,08d,B
Anglerų (AN)	353	5,08±0,06f	13	5±0,29	1	5±1,03	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	5,01±0,03f	221	4,96±0,07f	129	5,08±0,09	1	8±1,03	14	5,57±0,28	1	8±1,06
Holšteinų (HOL)	143	4,99±0,09 E'	90	4,94±0,11b,E''	2090	5,30±0,02f,F'	2250	5,33±0,02d,F''	768	5,62±0,04f,E	973	5,37±0,03f,F
Nežinomas (NEŽ)	603	5,00±0,04f,E'	139	4,91±0,09d	402	5,27±0,05b,F'	1370	5,21±0,03f	155	5,33±0,09b	443	5,21±0,05
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	4,99±0,02f,E'	1229	5,01±0,03f,E''	2183	5,20±0,02F',A*	1814	5,27±0,02f,F'',B*	287	5,19±0,06	96	5,21±0,11
Švicų (ŠV)	225	5,19±0,07f	2	4,5±0,73	56	5,29±0,14	11	5,09±0,31	7	5,71±0,40	3	5±0,61
Vidurkis		4,96±0,01		4,81±0,02		5,22±0,01		5,18±0,01		5,33±0,02		5,17±0,01

Pastabos: a–b; A–B; A'–B'; A*–B* – p < 0,05; c–d; C–D; C''–D'' – p < 0,01; e–f; E–F; E'–F'; E''–F''; E*–F* – p < 0,001.

Nustatyta, kad iki 2010 metų gimusios karvės, turinčios ŽH kraujo, abiejuose genotipuose buvo blogiau įvertintos pagal užpakalio kampą. Genotipe 25–50 proc. didžiausi skirtumai buvo pastebėti lyginant su ŠV veisle, kur skirtumas siekė 0,35 punkto, ir su AN veisle, kur skirtumas buvo 0,24 punkto. Tuo tarpu genotipe ≥ 50 proc. didžiausias skirtumas, 0,35 punkto, buvo nustatytas, lyginant su ŠŽ veisle ($p < 0,001$).

Analizuojant karves, gimusias nuo 2011 metų, buvo pastebėta, kad ŽH veislės karvių užpakalio kampas abiejuose genotipuose buvo įvertintas žemiausiu balu. Didžiausias skirtumas 25–50 proc. genotipe tarp ŽH ir AI, HOL veislių buvo 0,14 punkto ($p < 0,001$). Genotipe ≥ 50 proc., ŽH veislės didžiausi skirtumai su AI ir HOL veislėmis buvo 0,2 punkto ($p < 0,001$). Geriausią užpakalio kampo įvertinimą gavo AI grupė ($p < 0,001$) ir HOL veislė ($p < 0,01$). Tačiau ŠŽ ir nežinomos kilmės genotipo karvės buvo įvertintos geriau nei ŽH veislės karvės ($p < 0,001$).

Analizuojant karves pagal gimimo laikotarpius nustatyta, kad grupėje, turinčioje ≥ 50 proc. ŽH kraujo, nustatytas užpakalio kampo balo padidėjimas nuo 4,660 iki 5,130 ($p < 0,001$), tuo tarpu 25–50 proc. genotipe – nuo 4,835 iki 5,156 ($p < 0,001$). HOL kraujo karvių užpakalio kampo įvertinimas vėlesniu laikotarpiu padidėjo: ≥ 50 proc. genotipe balai padidėjo nuo 4,994 iki 5,332 ($p < 0,001$), o 25–50 proc. – nuo 4,993 iki 5,304 ($p < 0,001$). ŠŽ karvių tiek ≥ 50 proc., tiek 25–50 proc. genotipuose užfiksuoti atitinkami balų pokyčiai: nuo 5,014 iki 5,268 ($p < 0,001$) ir nuo 4,987 iki 5,197 ($p < 0,001$).

3.2.2.1 lentelės 2 dalies duomenys parodė, kad nepriklausomai nuo genotipo, aukščiausios buvo HOL veislės karvės ($p < 0,001$). HOL veislės karvės, turinčios 25–50 proc. kraujo laipsnį, buvo 3,43 cm aukštesnės už ŽH. Didėjant ŽH kraujo daliai, karvių aukštis buvo didesnis 0,97 cm ($p < 0,001$), tačiau pastarosios išliko 3,02 cm žemesnės ($p < 0,001$), lyginant su HOL ≥ 50 proc. genotipo karvėmis.

Kūno gylio balų analizė atskleidė, kad nepriklausomai nuo genotipo, aukščiausiu balu buvo įvertintos karvės iš HOL kraujo grupės ($p < 0,001$). Lyginant 25–50 proc. genotipą, ŽH veislės karvės buvo įvertintos 0,63 punkto žemiau nei HOL, o tarp karvių su ≥ 50 proc. genotipo skirtumas siekė 0,69 punkto ($p < 0,001$).

Užpakalio kampo vertinimo analizė parodė, kad artimiausios optimaliam balui yra karvės, turinčios ŽH kraujo, tiek su 25–50 proc., tiek su ≥ 50 proc. vyraujančiu krauju. Aukščiausi balai nustatyti karvėms, turinčioms HOL kraujo abiejuose vyraujančio kraujo grupėse ($p < 0,001$).

Senajo genotipo Lietuvos žалуjų karvių kūno bendrojo išsivystymo požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus pateiktas 3.2.2.2 lentelėje.

3.2.2.2 lentelė. Senojo genotipo Lietuvos žalujų karvių kūno bendrojo išsivystymo požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.				p
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	
Aukštis, cm					
Anglerų (AN)	9	130,22±1,19C	21	134,62±0,78D	0,001
Danijos žalujų (DŽ)	7	131±1,35A	21	134,62±0,78B	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	131±1,35 A	21	134,62±0,78 B	
Nežinomas (NEŽ)	9	130,22±1,19 E	12	135,67±1,03 F	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	133,22±1,19	
Švicų (ŠV)	–	–	3	134±2,07	
Žalmargių holšteinių (ŽH)	–	–	7	135,57±1,35	
Vidurkis		130,56±0,62		134,67±0,36	
Kūno gylis, balais					
Anglerų (AN)	9	5,33±0,34	21	5,76±0,22	0,41
Danijos žalujų (DŽ)	7	5,29±0,39	21	5,76±0,22	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	5,29±0,39	21	5,76±0,22	
Nežinomas (NEŽ)	9	5,33±0,34	12	5,92±0,30	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	5,56±0,34	
Švicų (ŠV)	–	–	3	6,67±0,59	
Žalmargių holšteinių (ŽH)	–	–	7	6,29±0,39	
Vidurkis		5,31±0,18		5,83±0,10	
Užpakalio kampas, balais					
Anglerų (AN)	9	4,67±0,27	21	5,05±0,18	0,69
Danijos žalujų (DŽ)	7	4,57±0,31	21	5,05±0,18	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	4,57±0,31	21	5,05±0,18	
Nežinomas (NEŽ)	9	4,67±0,27	12	5±0,23	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	5,11±0,27	
Švicų (ŠV)	–	–	3	5,33±0,47	
Žalmargių holšteinių (ŽH)	–	–	7	4,86±0,31	
Vidurkis		4,63±0,14		5,04±0,08	

Pastabos: A–B – p < 0.05; C–D – p < 0.01; E–F – p < 0.001.

Analizuojant 25–50 proc. genotipo duomenis nustatyta, kad karvių aukštis svyravo nuo 130,22 iki 131 cm. Nustatyta, kad didėjant veislių kraujo laipsniui (≥ 50 proc.), karvių aukštis svyravo nuo 134,62 iki 135,67 cm.

Lyginant pagal genotipus nustatyta, kad AN (≥ 50 proc. genotipo) karvės buvo 4,4 cm aukštesnės nei 25–50 proc. genotipo (p < 0,05), lyginant pagal

genotipus, DŽ karvės buvo 3,62 cm aukštesnės, LŽ karvės – 3,67 cm aukštesnės, o NEŽ karvės buvo 5,44 cm aukštesnės ($p < 0,01$).

Kūno gylio vertinimo balais duomenų analizė parodė, kad LŽSG karvių vidutinis kūno gylio vertinimas balais buvo žemiausias iš visų veislių – 5,56. Lyginant su AN, DŽ ir LŽ veislėmis, šis balas buvo 0,2 punkto mažesnis.

Užpakalio kampo vertinimas balais buvo nustatytas 5,11 ir tai buvo aukštesnis įvertinimas nei AN, DŽ ir LŽ veislių karvių, kurių vertinimas buvo 0,06 punkto žemesnis.

Galūnių požymiai. Pagal 3.2.2.3 lentelės 1 dalies duomenis, iki 2010 metų gimusių ŽH 25–50 proc. ŽH genotipo karvių užpakalinių kojų forma buvo įvertinta 9,42 proc. aukštesniu balu, lyginant su HOL veislės karvėmis ($p < 0,001$). Tuo tarpu vertinant ŽH ≥ 50 proc. genotipo karves, jų užpakalinių kojų forma buvo įvertinta 3,94 proc. žemesniu balu nei ŠŽ ($p < 0,001$).

Vertinant užpakalinių kojų formą nustatyta, kad po 2011 metų gimusių karvių grupėje užpakalinių kojų formos balai padidėjo ($p < 0,001$). Vertinant 25–50 proc. genotipe vyraujančias veisles, nustatyta, kad ŽH karvės buvo įvertintos aukščiausiu balu, lyginant su AI veisle (2,18 proc.), HOL (7,6 proc.), NEŽ (8,7 proc.), ŠŽ (6,65 proc.) ($p < 0,001$), ir ŠV (9,3 proc.) ($p < 0,01$). Analizuojant ≥ 50 proc. genotipo karves, ŽH kraujo turinčios karvės buvo geriau įvertintos nei kitų veislių atstovės: HOL veislės karvių skirtumas sudarė 11,43 proc., ŠŽ – 4,86 proc., o NEŽ – 9,61 proc. ($p < 0,001$).

Stebint kaip pasikeitė iki 2010 metų ir po 2011 metų gimusių karvių užpakalinių kojų kampas, nustatyta, kad abiejų genotipų ŽH karvių užpakalinių kojų kampas sumažėjo: 0,15 punkto ($p < 0,001$) 25–50 proc. genotipo ir 0,16 punkto ($p < 0,001$) ≥ 50 proc. genotipo karvių. Tačiau ŠŽ 25–50 proc. genotipo karvių šis rodiklis padidėjo 0,13 punkto ($p < 0,001$).

Kulno sąnario įvertinimas parodė, kad karvių, gimusių iki 2010 metų ir turinčių iki 50 proc. NEŽ kraujo, kulnų sąnariai įvertinti aukščiausiu balu ($p < 0,001$). ŽH veislės karvės buvo įvertintos žemesniu balu nei AI veislės karvės 0,17 punkto ($p < 0,05$), ŠŽ veislės karvės – 0,11 punkto ($p < 0,01$), o nežinomos kilmės karvės – 0,35 punkto ($p < 0,001$). Be to, didėjant ŽH veislės kraujo daliai, jų kulno sąnarių įvertinimo balas buvo 0,23 punkto ($p < 0,01$) žemesnis nei DŽ ir ŠŽ veislės karvių.

Karvių, gimusių po 2011 metų ir turinčių 25–50 proc. ŽH kraujo, kulno sąnariai buvo įvertinti blogiau nei AI ($p < 0,01$) ir ŠŽ ($p < 0,001$), tačiau 0,25 punkto geriau nei HOL ($p < 0,001$) ir 0,16 punkto – nei NEŽ ($p < 0,05$).

Analizuojant, kaip pasikeitė kulno sąnario vertinimo balas tarp karvių, gimusių iki 2010 metų ir po 2011 metų, nustatyta, kad karvių, turinčių 25–50 proc. ŽH kraujo laipsnio dalį, balas sumažėjo 0,522 punkto ($p < 0,001$). Šis faktas rodo, kad ŽH kraujo dalis nebuvo efektyvi kulno sąnario gerinimui per nagrinėjamą laikotarpį. Dar didesnis sumažėjimas, siekiantis 0,663

punkto, buvo nustatytas karvėms, turinčioms ≥ 50 proc. ŽH kraujo dalies, o tai parodo, kad aukštesnė ŽH kraujo dalis galėjo dar labiau neigiamai paveikti kulno sąnario vertinimo balus ($p < 0,001$). HOL grupės karvėms buvo nustatytas balų sumažėjimas 0,807 ir 0,681 punkto atitinkamai abiejuose genotipuose ($p < 0,001$). Didžiausias balų sumažėjimas – 1,038 ir 0,531 punkto ($p < 0,001$) – buvo nustatytas abiejuose genotipuose su NEŽ veislės kraujo dalimi.

3.2.2.3 lentelės 2 dalyje nurodyta kulno sąnario vertinimo analizė parodė, kad nepriklausomai nuo vyraujančio kraujo procento, aukščiausiais balais buvo įvertintos ŠŽ karvės ($p < 0,001$). Tuo tarpu žemiausias balas buvo nustatytas karvėms, turinčioms ≥ 50 proc. HOL veislės kraujo ($p < 0,001$).

3.2.2.3 lentelė. Atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų karvių galūnių požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	1.LŽAP								2.Šiuo metu veisiama LŽAP			
	iki 2010 metų gimusios karvės				nuo 2011 metų gimusios karvės							
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.
Užpakalinių kojų forma, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	5,32±0,03e,E,E'	2198	5,14±0,03e,F,E''	4120	6,09±0,02e,c,F',A*	14210	6,04±0,01e,F'',B*	672	6,19±0,06e	4286	6,22±0,02e
Airšyrų (AI)	218	5,23±0,1E'	3	5,67±0,81	1839	5,96±0,03f,F'	518	6,05±0,06	514	5,88±0,06f	173	5,80±0,11f
Anglerų (AN)	353	5,44±0,08	13	5,31±0,39	1	6,00±1,40	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	5,26±0,05E'	221	5,13±0,09A''	129	5,92±0,12 F'	1	8±1,40B''	14	5,86±0,38	1	8±1,43
Holšteinų (HOL)	143	4,87±0,12f,A,E'	90	5,27±0,15B	2090	5,66±0,03f,F',E*	2250	5,42±0,03f,F*	768	5,34±0,05f	973	5,42±0,05f
Nežinomas (NEŽ)	603	5,26±0,06E'	139	5,34±0,12	402	5,60±0,07f,F'	1370	5,51±0,04f	155	5,58±0,12f	443	5,59±0,07f
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	5,34±0,03E'	1229	5,35±0,04f,E''	2183	5,71±0,03f,F'	1814	5,76±0,03f,F''	287	5,85±0,08f,A	96	5,49±0,15f,B
Švicų (ŠV)	225	5,44±0,09	2	4,5±0,99A''	56	5,57±0,19d,A*	11	6,64±0,42B'',B*	7	6,57±0,54	3	6,33±0,82
Vidurkis		5,31±0,02		5,22±0,02		5,89±0,01		5,91±0,01		5,76±0,03		6,03±0,02
Užpakalinių kojų kampas, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	5,05±0,03c,a,E'	2198	5,08±0,02c,E''	4120	4,9±0,02e,F'	14210	4,92±0,01e,F''	672	4,98±0,04e,a	4286	5,00±0,02e,a
Airšyrų (AI)	218	5,04±0,08	3	3±0,66d	1839	5,08±0,03f	518	5,24±0,05f	514	5,19±0,05	173	5,36±0,08f
Anglerų (AN)	353	4,84±0,06d	13	4,85±0,32	1	7±1,14	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	4,96±0,04	221	5,05±0,08	129	5,08±0,1	1	5±1,14	14	4,86±0,30	1	5±1,11
Holšteinų (HOL)	143	5,11±0,10	90	5,3±0,12	2090	5,23±0,03f	2250	5,18±0,02f	768	5,58±0,04f,E	973	5,24±0,04f,F
Nežinomas (NEŽ)	603	4,91±0,05b,E'	139	4,89±0,10A''	402	5,25±0,06f,F'	1370	5,15±0,03f,B''	155	5,39±0,09f	443	5,19±0,05f
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	5,01±0,03A,E'	1229	5,10±0,03B	2183	5,14±0,02f,F'	1814	5,18±0,03f	287	5,15±0,07b	96	5,29±0,11b
Švicų (ŠV)	225	4,97±0,08	2	6±0,81	56	4,93±0,15	11	5,55±0,34	7	5,14±0,42	3	6±0,64
Vidurkis		5,00±0,01		5,08±0,02		5,06±0,01		4,99±0,01		5,26±0,02		5,07±0,02
Kulno sąnarys, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	5,82±0,03a,e,-c,E'	2198	5,83±0,03c,e,E''	4120	5,30±0,02c,e,a,F',E*	14210	5,16±0,01e,c,F'',F*	672	5,19±0,05	4286	5,15±0,02
Airšyrų (AI)	218	5,99±0,08b,E'	3	5,33±0,71	1839	5,40±0,03d,F'	518	5,41±0,05f	514	5,34±0,05	173	5,42±0,09
Anglerų (AN)	353	5,88±0,07	13	5,85±0,34	1	4±1,23	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	5,92±0,04E'	221	6,06±0,08d	129	5,29±0,11F'	1	6±1,23	14	4,5±0,33	1	6±1,30
Holšteinų (HOL)	143	5,86±0,10E'	90	5,72±0,13E''	2090	5,05±0,03f,F'	2250	5,04±0,03f,F''	768	5,01±0,04	973	5,07±0,04
Nežinomas (NEŽ)	603	6,17±0,05f,C,E'	139	5,84±0,10f,D,E''	402	5,13±0,06b,F',A*	1370	5,30±0,03f,F'',B*	155	5,01±0,1E	443	5,41±0,06F
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	5,93±0,03d,-C,E'	1229	6,06±0,04d,D,E''	2183	5,52±0,03f,F',A*	1814	5,61±0,03f,D'',B*	287	5,54±0,07	96	5,64±0,12
Švicų (ŠV)	225	5,76±0,08	2	5±0,87	56	5,46±0,16A*	11	6,27±0,37d,B*	7	5,43±0,46	3	5,67±0,70
Vidurkis		5,91±0,02		5,91±0,02		5,31±0,01		5,21±0,01		5,21±0,02		5,16±0,02

Pastabos: a–b; A–B; A'–B'; A*–B* – p < 0,05; c–d; C–D; C''–D'' – p < 0,01; e–f; E–F; E'–F'; E''–F''; E*–F* – p < 0,001.

Senajo genotipo Lietuvos žалуjų karvių galūnių požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus pateiktas 3.2.2.4 lentelėje.

3.2.2.4 lentelė. Senajo genotipo Lietuvos žalujų karvių galūnių požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	n	Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.			p
		25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	
Užpakalinių kojų forma, balais					
Anglerų (AN)	9	5±0,36	21	4,81±0,24	0,81
Danijos žalujų (DŽ)	7	5±0,4	21	4,81±0,24	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	5±0,4	21	4,81±0,24	
Nežinomas (NEŽ)	9	5±0,36	12	4,83±0,31	
Senajo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	4,78±0,36	
Švicų (ŠV)	–	–	3	3,67±0,63	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	4,29±0,41	
Vidurkis		5,02±0,19		4,73±0,11	
Užpakalinių kojų kampas, balais					
Anglerų (AN)	9	6,33±0,33	21	5,33±0,21	0,01
Danijos žalujų (DŽ)	7	6,14±0,37	21	5,33±0,21	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	6,14±0,37	21	5,33±0,21	
Nežinomas (NEŽ)	9	6,33±0,32	12	5,67±0,28	
Senajo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	4,89±0,33	
Švicų (ŠV)	–	–	3	6±0,57	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	5,71±0,37	
Vidurkis		6,25±0,17		5,38±0,1	
Kulno sąnarys, balais					
Anglerų (AN)	9	6,22±0,41A	21	5,05±0,27B	0,02
Danijos žalujų (DŽ)	7	6,29±0,47A	21	5,05±0,27B	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	6,29±0,47 A	21	5,05±0,27 B	
Nežinomas (NEŽ)	9	6,22±0,41	12	5,25±0,36	
Senajo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	4,78±0,41	
Švicų (ŠV)	–	–	3	6±0,72	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	5,43±0,47	
Vidurkis		6,25±0,21		5,11±0,13	

Pastabos: A–B – p < 0,05.

Analizuojant ≥ 50 proc. genotipo karvių užpakalinių kojų formos įvertinimą balais (3.2.2.4 lentelė) nustatyta, kad AN, DŽ ir LŽ veislių karvių balas

buvo 4,81. Senojo genotipo kraujo turinčių karvių vidutinis įvertinimo balas buvo 0,03 punkto žemesnis.

Užpakalinių kojų kampo įvertinimas balais parodė, kad LŽSG kraujo turinčių karvių vidutinis balas buvo žemiausias, lyginant su kitomis veislėmis, tokiomis kaip AN, DŽ ir LŽ, vidutinis balas buvo 0,44 punkto žemesnis.

Kulno sąnario vertinimas balais parodė, kad LŽSG karvių vidutinis balas buvo žemiausias, lyginant su AN, DŽ ir LŽ veislėmis, ir buvo 0,27 punkto žemesnis.

Tešmens požymiai. Remiantis 3.2.2.5 lentelės 1 dalies duomenimis ir analizuojant vidutinį spenių ilgį nustatyta, kad karvės gimusios iki 2010 metų ir turinčios iki 50 proc. HOL veislės kraujo, buvo įvertintos aukščiausiu balu. Jų speniai buvo įvertinti 15,72 proc. aukštesniu balu nei ŽH veislės karvių ($p < 0,001$).

Karvių, gimusių po 2011 metų ir turinčių 25–50 proc. ŽH kraujo, spenių ilgis buvo įvertintas žemesniu balu nei HOL ($p < 0,05$), tačiau aukštesniu nei AI ir ŠŽ veislių atstovių ($p < 0,05$).

Lyginat karves, gimusias iki 2010 metų ir po 2011 metų, nustatyta, kad karvių, turinčių 25–50 proc. ŽH kraujo, spenių ilgio balas padidėjo 0,122 punkto ($p < 0,001$). Analizuojant HOL karvių grupės spenių ilgį nustatyta, kad abiejų genotipų karvių spenių ilgio vertinimo balai sumažėjo: 11,87 proc. ($p < 0,001$) karvių, turinčių 25–50 proc. HOL kraujo, ir 9,72 proc. ($p < 0,001$) karvių, turinčių ≥ 50 proc. HOL kraujo. Skirtingi duomenys gauti analizuojant karvių, turinčių nežinomos kilmės kraujo (NEŽ), pokyčius: 25–50 proc. genotipo karvių sumažėjo 12,67 proc. ($p < 0,001$), o ≥ 50 proc. genotipo karvių spenių ilgis padidėjo 9,72 proc. ($p < 0,001$).

Lyginant karvių, gimusių iki 2010 metų ir po 2011 metų, spenių storio vertinimo balus, jis buvo mažesnis 25–50 proc. HOL karvių, čia balų sumažėjimas siekė 0,403 ($p < 0,001$).

Dar didesnis pokytis buvo užfiksuotas karvių grupėje, kurioje vyraujančio HOL kraujo dalis siekė ≥ 50 proc.: čia balas sumažėjo 0,516 punkto ($p < 0,001$). Taip pat vertinimo balas 1,162 punkto sumažėjo 25–50 proc. NEŽ genotipo karvių grupėje ($p < 0,001$). Priešingai, 0,0235 punkto didesniais balais buvo įvertintas spenių storis AI 25–50 proc. genotipo karvių grupėje ($p < 0,001$).

Tuo tarpu karvės ŠŽ ≥ 50 proc. genotipo karvių grupėje buvo nustatytas 0,255 balo didesnis ($p < 0,001$) įvertinimas. ŽH 25–50 proc. genotipo karvių grupėje spenių storio įvertinimo balai išaugo 0,085 punkto ($p < 0,05$), o ≥ 50 proc. genotipo grupėje – 0,268 punkto ($p < 0,001$).

3.2.2.5 lentelė. Atviros populiacijos Lietuvos žалуju karvių tešmens požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	1.LŽAP								2. Šiuo metu veisiama LŽAP			
	iki 2010 metų gimusios karvės				nuo 2011 metų gimusios karvės							
	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.	n	25–50 proc.	n	≥ 50 proc.
Spenių ilgis, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	4,34±0,02e,a,E,E'	2198	4,46±0,02e,F	4120	4,46±0,02a,F',A*	14210	4,41±0,01e,B*	672	4,44±0,04e,C	4286	4,34±0,01e,D
Airšyrų (AI)	218	4,17±0,08b,C'	3	3,67±0,65	1839	4,39±0,03b,D'	518	4,41±0,05	514	4,38±0,04	173	4,44±0,07
Anglerų (AN)	353	4,75±0,06f	13	5±0,31	1	5±1,13	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	4,62±0,04f,E	221	5,31±0,08f,F	129	4,47±0,1	1	4,00±1,13	14	4,64±0,25	1	4±0,94
Holšteinų (HOL)	143	5,15±0,10f,E'	90	5±0,12f,E''	2090	4,54±0,03b,F'	2250	4,51±0,02f,F''	768	4,67±0,03f,A	973	4,56±0,03f,B
Nežinoma (NEŽ)	603	5,01±0,05f,E,E'	139	4,14±0,10f,F,E''	402	4,38±0,06F',C*	1370	4,55±0,03f,F'',D*	155	4,43±0,08A	443	4,63±0,05f,B
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	4,39±0,03E	1229	4,15±0,03f,F,E''	2183	4,39±0,02b	1814	4,44±0,03F''	287	4,38±0,06	96	4,35±0,10
Švicų (ŠV)	225	4,68±0,08f,A'	2	4±0,80	56	4,34±0,15 B'	11	4,91±0,34	7	4,71±0,36	3	4,67±0,54
Vidurkis		4,5±0,01		4,41±0,02		4,44±0,01		4,44±0,01		4,49±0,019		4,4±0,012
Spenių storis, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	4,43±0,03a,e,E,A'	2198	4,09±0,03a,F,E''	4120	4,52±0,02a,c,e,B',E*	14210	4,36±0,01c,e,F'',F*	672	4,39±0,04e	4286	4,24±0,02e
Airšyrų (AI)	218	4,19±0,09b,A'	3	3,33±0,80	1839	4,42±0,03b,B'	518	4,54±0,06d	514	4,27±0,05	173	4,41±0,09
Anglerų (AN)	353	5,18±0,07f	13	5,77±0,38	1	4±1,38	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	5,21±0,05E'	221	5,37±0,09	129	4,19±0,12d,F'	1	4±1,38	14	3,93±0,30	1	4±1,11
Holšteinų (HOL)	143	4,29±0,12E'	90	4,08±0,15E''	2090	3,89±0,03f,F',E*	2250	3,56±0,03f,F'',F*	768	3,46±0,04f,E	973	3,24±0,04f,F
Nežinomas (NEŽ)	603	5,20±0,06E,E'	139	4,17±0,12F	402	4,04±0,07f,F',E*	1370	4,30±0,04F*	155	3,91±0,09f	443	4,01±0,05f
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	4,75±0,03b,E,E'	1229	4,5±0,04b,F,E''	2183	4,54±0,03F',E*	1814	4,76±0,03f,F'',F*	287	4,39±0,07A	96	4,66±0,11f,B
Švicų (ŠV)	225	5,26±0,09C'	2	5,5±0,98	56	4,71±0,19D'	11	4,91±0,42	7	4,29±0,42	3	5±0,64
Vidurkis		4,77±0,02		4,3±0,02		4,36±0,01		4,31±0,01		4,06±0,02		4,06±0,02
Tešmens užpakalinės dalies aukštis, balais												
Žalmargių holšt. (ŽH)	2150	6,13±0,03a,e,C,E'	2198	6,22±0,03e,c,D,E''	4120	5,66±0,02e,c,F',E*	14210	5,87±0,01c,e,F'',F*	672	5,83±0,05e,E	4286	6,02±0,02c,e,F
Airšyrų (AI)	218	5,93±0,08b	3	5,67±0,70	1839	5,82±0,03f	518	5,73±0,05d	514	5,82±0,05	173	5,87±0,09
Anglerų (AN)	353	6,01±0,07	13	6,08±0,34	1	6±1,22	–	–	–	–	–	–
Danijos žal. (DŽ)	937	5,79±0,04f,E'	221	5,83±0,08f	129	5,26±0,11f,F'	1	6±1,22	14	5,21±0,32	1	6±1,19
Holšteinų (HOL)	143	5,73±0,10f	90	5,82±0,13d	2090	5,77±0,03f,E*	2250	5,95±0,03d,F*	768	5,91±0,04C	973	6,07±0,04D
Nežinomas (NEŽ)	603	5,90±0,05f	139	5,88±0,10A''	402	5,77±0,06A*	1370	5,61±0,03f,B'',B*	155	5,93±0,10	443	5,87±0,06d
Švedijos žal. (ŠŽ)	1988	5,86±0,03f,E'	1229	5,86±0,04f,E''	2183	5,50±0,03f,F',E*	1814	5,36±0,03f,F'',F*	287	5,53±0,07f	96	5,40±0,12f
Švicų (ŠV)	225	5,60±0,08f,A'	2	5,5±0,86	56	5,20±0,16d,B'	11	5,55±0,37	7	5,57±0,45	3	6±0,69
Vidurkis		5,94±0,02		6,06±0,02		5,67±0,01		5,81±0,01		5,80±0,02		6,01±0,02

Pastabos: a–b; A–B; A'–B'; A*–B* – p < 0,05; c–d; C–D; C''–D'' – p < 0,01; e–f; E–F; E'–F'; E''–F''; E*–F* – p < 0,001.

Lyginant karves, gimusias iki 2010 metų ir po 2011 metų, karvių grupėje, turinčioje ≥ 50 proc. ŽH kraujo, fiksuoti mažesni įvertinimo balai per 0,351 punkto ($p < 0,001$), o 25–50 proc. kraujo laipsnio grupėje balai sumažėjo 0,470 punkto ($p < 0,001$). Šie duomenys rodo, kad per laikotarpį po 2011 m. ŽH karvių tešmens užpakalinės dalies aukštis buvo vertinamas žemesniais balais, palyginti su anksčiau gimusių karvių vertinimais.

NEŽ kraujo karvių grupėje, tiek ≥ 50 proc., tiek 25–50 proc. genotipo, buvo fiksuoti vertinimo balų sumažėjimai: atitinkamai 0,269 ir 0,13 punkto ($p < 0,001$). ŠŽ karvių grupėje, tiek ≥ 50 proc., tiek 25–50 proc. vyraujančio kraujo laipsnio genotipo, buvo nustatytas reikšmingas balų sumažėjimas: atitinkamai 0,497 ir 0,358 punkto ($p < 0,001$).

3.2.2.5 lentelės 2 dalies analizė parodė, kad spenių ilgio analizė atskleidė, jog karvių, turinčių 25–50 proc. ŽH kraujo, vidutinis spenių ilgis buvo 4,44 balo. Tuo tarpu HOL veislės karvių speniai buvo 0,23 punkto ilgesni ($p < 0,001$). Lyginant abu genotipus, ŽH ir HOL karvių spenių ilgiai buvo šiek tiek trumpesni, bet HOL veislės karvių speniai buvo 0,23 punkto ilgesni ($p < 0,001$).

Spenių storio analizė atskleidė, kad ploniausi speniai buvo karvių, turinčių 25–50 proc. HOL ir NEŽ kraujo dalis, jie buvo atitinkamai 0,93 ir 0,48 punkto plonesni nei ŽH veislės karvių speniai ($p < 0,001$). Storiausi speniai buvo nustatyti ŠŽ ≥ 50 proc. genotipo karvių, jie buvo 0,46 punkto storesni nei ŽH veislės karvių speniai ($p < 0,001$). Tuo tarpu ploniausi speniai buvo nustatyti to paties genotipo HOL veislės karvėms, jie buvo 1 balu plonesni už ŽH karvių spenius ($p < 0,001$).

Tešmens užpakalinės dalies aukščio analizė parodė, kad ŽH veislės karvių šis rodiklis buvo įvertintas 0,3 punkto aukštesniu balu nei ŠŽ veislės karvių ($p < 0,001$). Lyginant pagal genotipus, ŽH veislės karvių balai buvo 0,19 balo, o HOL veislės – 0,16 balo (atitinkamai $p < 0,001$ ir $p < 0,01$) aukštesni. Genotipe ≥ 50 proc. ŽH veislės tešmens užpakalinės dalies balai buvo 0,62 punkto aukštesni nei ŠŽ veislės, ir 0,15 punkto aukštesni nei NEŽ karvių (atitinkamai $p < 0,001$ ir $p < 0,01$).

Senajo genotipo Lietuvos žалуjų karvių tešmens požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus pateiktas 3.2.2.6 lentelėje.

3.2.2.6 lentelė. Senojo genotipo Lietuvos žалуjų karvių tešmens požymių įvertinimas pagal atskirus genotipus

Genotipas	n	Veislės kraujo laipsnio dalis, proc.			p
		25-50 proc.	n	≥ 50 proc.	
Spenių ilgis, balais					
Anglerų (AN)	9	5,11±0,49	21	5,95±0,32	0,68
Danijos žalujų (DŽ)	7	5,43±0,56	21	5,95±0,32	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	5,43±0,56	21	5,95±0,32	
Nežinomas (NEŽ)	9	5,11±0,49	12	6,08±0,43	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	5,78±0,49	
Švicų (ŠV)	–	–	3	4,67±0,86	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	5,57±0,56	
Vidurkis		5,25±0,26		5,88±0,15	
Spenių storis, balais					
Anglerų (AN)	9	5,33±0,45	21	4,86±0,30	0,91
Danijos žalujų (DŽ)	7	5,29±0,51	21	4,86±0,30	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	5,29±0,51	21	4,86±0,30	
Nežinomas (NEŽ)	9	5,33±0,45	12	4,75±0,39	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	5±0,45	
Švicų (ŠV)	–	–	3	4±0,78	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	4,71±0,51	
Vidurkis		5,31±0,23		4,82±0,14	
Tešmens užpakalinės dalies aukštis, balais					
Anglerų (AN)	9	4,67±0,36	21	4,19±0,24	0,85
Danijos žalujų (DŽ)	7	4,71±0,41	21	4,19±0,24	
Lietuvos žalujų (LŽ)	7	4,71±0,41	21	4,19±0,24	
Nežinomas (NEŽ)	9	4,67±0,36	12	4,333±0,32	
Senojo genotipo Lietuvos žalujų (LŽSG)	–	–	9	4±0,36	
Švicų (ŠV)	–	–	3	4±0,63	
Žalmargių holšteinų (ŽH)	–	–	7	4,286±0,41	
Vidurkis		4,69±0,19		4,19±0,11	

Spenių ilgio balas ≥ 50 proc. LŽSG karvių buvo 5,78, t. y. 0,17 punkto mažesnis nei AN, DŽ ir LŽ karvių. Aukščiausias spenių storio vertinimo balas buvo 5, ir jis buvo 0,14 punkto didesnis nei AN, DŽ ir LŽ karvių. Tešmens užpakalinės dalies aukščio vertinimo balas buvo mažiausias LŽSG karvių grupėje – 4, ir tai buvo 0,19 punkto mažiau nei AN, DŽ ir LŽ karvių.

3.2.3. Eksterjero rodiklių analizė pagal balus ir karvių skaičių

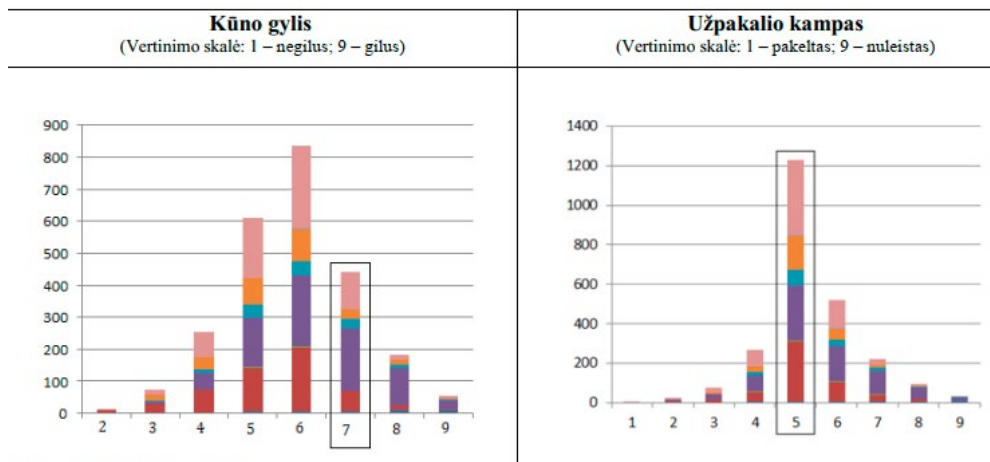
Norint detaliau išnagrinėti šiuo metu veisiamos Lietuvos žалуjų galvijų atviros populiacijos veislinių savybių pasiskirstymą, buvo atlikta eksterjero rodiklių analizė, atsižvelgiant į įvertinimo balus ir karvių skaičiaus pasiskirstymą (3.2.3.1–3.2.3.3 pav.). Buvo analizuojami kūno bendrojo išsivystymo požymiai (kūno gylis, užpakalio kampas), galūnių požymiai (užpakalinių kojų forma, užpakalinių kojų kampas, kulno sąnarys) ir tešmens požymiai (spenių ilgis, spenių storis, tešmens užpakalinės dalies aukštis).

Karvių skaičiaus pasiskirstymo pagal kūno bendrojo išsivystymo požymių įvertinimo balus analizė pateikta 3.2.3.1 pav. Analizuojant karvių pasiskirstymą pagal kūno gylio įvertinimą balais nustatyta, kad didžiausia dalis (34,34 proc.) karvių, kurių genotipas (25–50 proc.), buvo įvertinta 6 balais. Didžiausią dalį šioje grupėje sudarė ŽH (30,74 proc.) ir HOL (26,79 proc.) veislės karvės. Optimaliai buvo įvertintos 17,96 proc. karvių, iš kurių didžiausią dalį sudarė HOL (44,93 proc.).

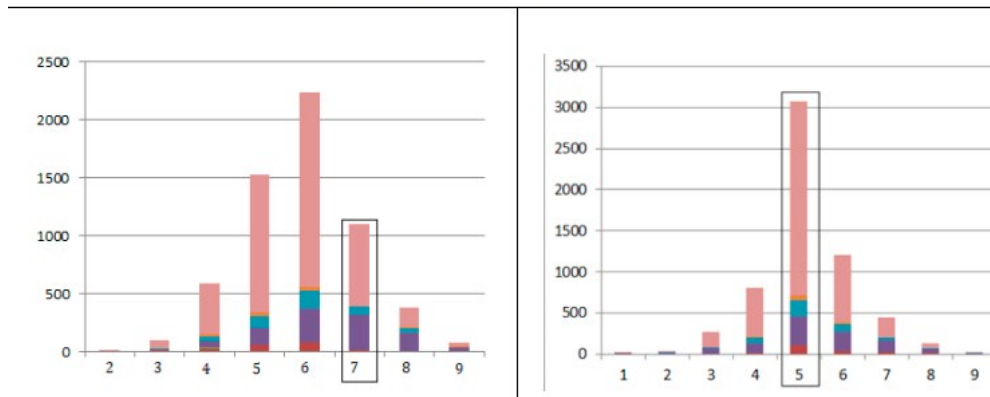
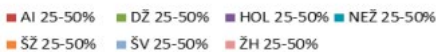
Genotipo ≥ 50 proc. karvių grupėje didžiausia dalis taip pat buvo įvertinta 6 balais (37,41 proc.), iš kurių 75 proc. buvo ŽH veislės karvės. Optimaliai buvo įvertinta 18,28 proc. karvių, iš kurių didžiausią dalį (64 proc.) sudarė ŽH karvės.

Užpakalio kampo balų įvertinimas parodė, kad didžiausia dalis karvių buvo įvertintos optimaliai – 5 balais. Didžiausią dalį sudarė ŽH (30,96 proc.), AI (24,75 proc.) ir HOL (22,88 proc.) veislės karvės.

Genotipo ≥ 50 proc. grupėje optimaliu balų skaičiumi buvo įvertinta didžiausia karvių dalis (51,45 proc.), iš kurių 76,84 proc. sudarė ŽH veislės karvės.



Optimalių balų rodikliai apibrėžti

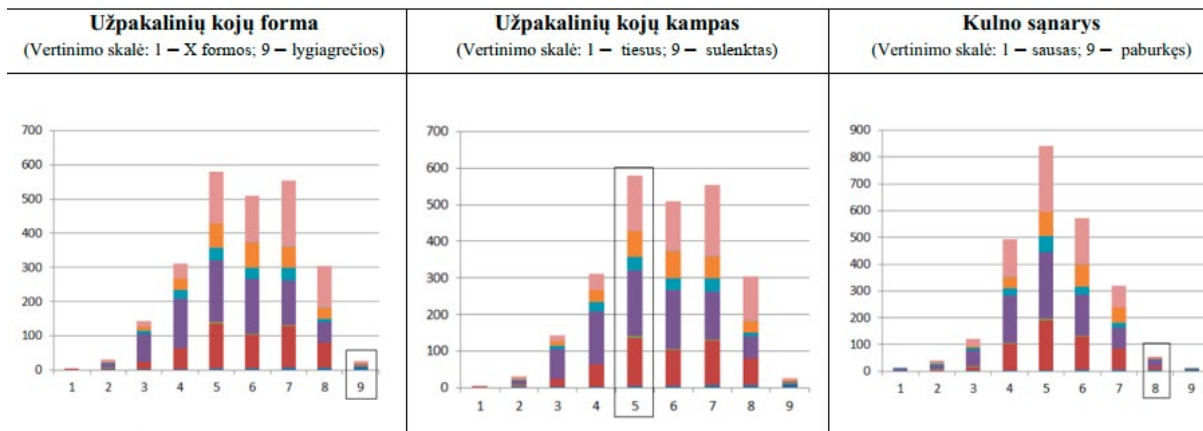


Optimalių balų rodikliai apibrėžti

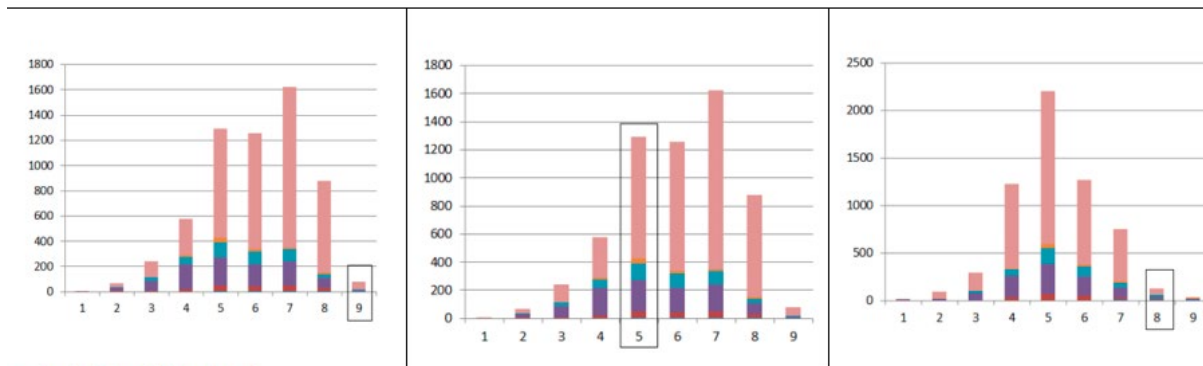


3.2.3.1 pav. Karvių skaičiaus pasiskirstymas pagal kūno bendrojo išsivystymo požymių įvertinimo balus

Karvių skaičiaus pasiskirstymas pagal galūnių požymių įvertinimo balus (3.2.3.2 pav.) parodė, kad pagal užpakalinių kojų formos įvertinimą balais 25–50 proc. genotipo karvių grupėje didžiausia dalis karvių (67,19 proc.) buvo įvertintos 5–7 balais. Optimalus balas šioje grupėje buvo duotas mažiau nei 1 proc. karvių.



Optimalių balų rodikliai apibrėžti



Optimalių balų rodikliai apibrėžti



3.2.3.2 pav. Karvių skaičiaus pasiskirstymas pagal galūnių požymių įvertinimo balus

≥ 50 proc. genotipo karvių grupėje didžiausia dalis (27,01 proc.) užpakalinių kojų formos buvo įvertinta 7 balais. Optimalus balas šioje grupėje buvo duotas tik 1,15 proc. karvių.

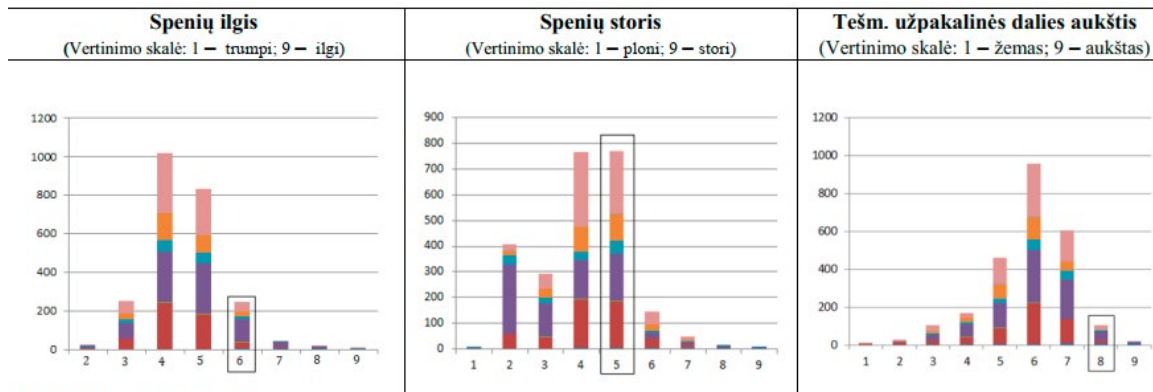
Užpakalinių kojų kampo įvertinimas optimaliu balu (5) 25–50 proc. genotipo grupėje parodė, kad didžiausia dalis karvių (23,75 proc.) buvo įvertintos optimaliu balu. Didžiausią dalį šioje grupėje sudarė HOL (31,36 proc.), ŽH (26,31 proc.) ir AI (23 proc.) veislės karvės.

Analizuojant ≥ 50 proc. genotipo karvių skaičiaus pasiskirstymą pagal užpakalinių kojų kampo įvertinimą, nustatyta, kad didžiausia dalis (27,1 proc.) karvių buvo įvertintos 7 balais, didžiausią jų dalį sudarė ŽH veislės karvės. Optimaliais 5 balais buvo įvertinta 21,56 proc. karvių, iš kurių didžiausią dalį (67,31 proc.) sudarė ŽH veislės karvės.

Analizuojant kulno sąnario įvertinimą balais nustatyta, kad 25–50 proc. genotipo karvės daugiausia buvo įvertintos 5 balais. Šioje grupėje didžiausią dalį sudarė HOL (29,78 proc.), ŽH (29,3 proc.) ir AI (22,25 proc.) veislės karvės. Optimalus kulno sąnario balas yra 8, tačiau karvės, gavusios šį balą, sudarė tik beveik 2 proc.

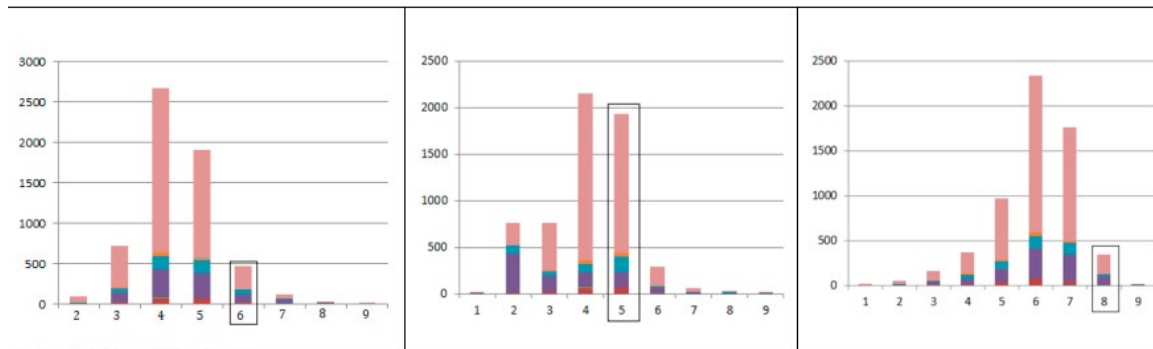
≥ 50 proc. genotipo karvių grupėje daugiausia karvių taip pat buvo įvertintos 5 balais, iš kurių didžiausią dalį (73,18 proc.) sudarė ŽH veislės karvės. Optimalų 8 balų įvertinimą gavo tik 0,25 proc. karvių.

Tešmens požymių įvertinimo balai pagal karvių skaičių pavaizduoti 3.2.3.3 pav. Analizuojant spenių ilgio balų įvertinimą nustatyta, kad 25–50 proc. genotipo karvės dažniausiai įvertintos 4 balais. Šią grupę daugiausia sudarė ŽH (30,31 proc.), AI (23,40 proc.) ir HOL (25,96 proc.). Optimalų 6 balų įvertinimą gavo 10 proc. karvių, kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (20,66 proc.) ir HOL (48,76 proc.).



Optimalių balų rodikliai apibrėžti

■ AI 25-50% ■ DŽ 25-50% ■ HOL 25-50% ■ NEŽ 25-50%
■ ŠŽ 25-50% ■ ŠV 25-50% ■ ŽH 25-50%



Optimalių balų rodikliai apibrėžti

■ AI ≥50% ■ DŽ ≥50% ■ HOL ≥50% ■ NEŽ ≥50%
■ ŠŽ ≥50% ■ ŠV ≥50% ■ ŽH ≥50%

3.2.3.3 pav. Karvių skaičiaus pasiskirstymas pagal tešmens požymių įvertinimo balus

≥ 50 proc. genotipo karvių grupėje daugiausia karvių taip pat buvo įvertintos 4 balais, didžiausią jų dalį sudarė ŽH karvės (76,07 proc.). Optimalų 6 balų įvertinimą gavo 7,83 proc. karvių, kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (61,11 proc.).

Spenių storio vertinimas parodė, kad didžiausia dalis 25–50 proc. genotipo karvių buvo įvertintos 4 (31,53 proc.) ir 5 (31,65 proc.) balais. Optimalų 5 balų įvertinimą gavo karvės, kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (31,37 proc.), HOL (24,05 proc.) ir AI (23,53 proc.).

≥ 50 proc. genotipo karvių pasiskirstymas parodė, kad šioje grupėje didžiausia dalis buvo įvertinta 4 (36,02 proc.) ir 5 (32,29 proc.) balais, kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (77,19 proc.).

Tešmens užpakalinės dalies aukščio įvertinimas pasiskirstė taip: 25–50 proc. ir ≥ 50 proc. genotipuose didžiausia dalis karvių (atitinkamai 39,30 ir 39,09 proc.) buvo įvertintos 6 balais. Optimalų balą 25–50 proc. ir ≥ 50 proc. genotipo grupėse gavo tik atitinkamai 4,05 ir 5,56 proc. karvių.

3.3. Genetinės vertės nustatymo (BLUP) metodikų analizė

Vykdamas projektą „Europos pieninių galvijų viduveislinė ir tarpveislinė bioįvairovė – išsaugojimas per panaudojimą“ (ReDiverse), viena iš užduočių buvo atlikti pieninių galvijų veislių fenotipinių duomenų vertinimo analizę ir palyginti Lietuvos fenotipinių galvijų vertinimą su kitomis šalimis. Į analizę buvo įtrauktos Lietuvos, Norvegijos, Danijos, Švedijos, Suomijos, Estijos, Lenkijos, Latvijos, Olandijos, Belgijos ir Vokietijos šalyse taikomos praktikos.

3.3.1 lentelėje pateikti duomenys rodo, kaip skirtingose šalyse vertinami ir registruojami fenotipiniai požymiai. Iš šių duomenų matyti, kad ne visos šalys oficialiai skelbia savo įprasto vertinimo duomenis „Interbull“ duomenų bazėje ir ne visos šalys dalyvauja „Interbull“ vertinimuose registruodamos visus galimus fenotipinius požymius bei veisles. Dažnai nauji nacionaliniai vertinimo centrai iš pradžių pateikia daugelio populiacijų (veislių) produktyvumo savybių duomenis, o vėliau įtraukia naujus požymius ir veisles pagal „Interbull“ tvarkas. Naujų duomenų pateikimas privalo būti įvertintas, kad būtų galima šiuos duomenis įtraukti į bazę ir oficialiai paskelbti. Vertinimo metu reikia atlikti keturis pagrindinius veiksmus. Siekiant sužinoti ir apibendrinti, kokie fenotipiniai požymiai kaip ir kada yra vertinami skirtingose šalyse, buvo parengtos anketos (2019 m.) ir išsiųstos šių šalių veisimo organizacijoms. Tokiu būdu gauta trūkstama informacija, kuri nebuvo pateikta „Interbull“ duomenų bazėje.

3.3.1 lentelė. Fenotipinis galvijų vertinimas Europos šalyse, parengtas pagal „Interbull“ duomenų bazę (2019 m.)

Šalis	Produkcija	Eksterjeras	Tešmens sveikata	Ilgzaamžiškumas	Veršiavimasis	Vaisingumas	Darbingumas
Lietuva	HOL, ŽG	–	HOL, ŽG	–	–	–	–
Norvegija	ŽG	ŽG	ŽG	ŽG	ŽG	ŽG	ŽG
Danija Švedija Suomija	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER	HOL, ŽG, DŽER
Estija	HOL, ŽG	HOL, ŽG	HOL, ŽG	–	–	–	–
Lenkija	HOL	HOL	HOL	HOL	–	HOL	–
Latvija	HOL, ŽG	–	HOL, ŽG	–	–	–	–
Olandija	VV	VV	VV	VV	VV	VV	VV
Vokietija	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽ, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM	HOL, DŽER, ŽG, ŠŽ, SIM

Veislės: ŽG – žalieji galvijai, HOL – holšteinai, DŽER – džersiai, ŠV – švicų žalieji, SIM – simentaliai, VV – visos veislės.

Išanalizavę oficialiai paskelbtus duomenis galime teigti, kad žalujų galvijų visų 7 oficialių fenotipinių požymių: produkcijos, eksterjero, tešmens sveikatos, ilgzaamžiškumo, veršiavimosi, vaisingumo ir darbingumo, patvirtintų „Interbull“ duomenų bazėje, vertinimą atlieka Vokietija, Nyderlandai, Danija, Švedija, Suomija ir Norvegija. Kitose šalyse – Lietuvoje, Latvijoje ir Estijoje – į įprastą vertinimą įtraukti ir „Interbull“ duomenų bazėje oficialiai skelbiami tik produktyvumo ir tešmens sveikatos duomenys. Lenkijoje oficialiai skelbiami 5 požymiai, tačiau tai taikoma tik holšteinų populiacijai. Analizuojant anketų duomenis nustatyta, kad Lietuva ir Latvija, nors oficialiai savo duomenų apie žalujų galvijų eksterjero požymio vertinimą nepateikia „Interbull“ duomenų bazėje, šio požymio vertinimą atlieka nacionaliniu lygiu. Taip pat taikoma ir Estijoje bei Lenkijoje. Be to, Lenkija nacionaliniu lygiu vertina žalujų galvijų eksterjerą.

Išanalizavus tarptautinėje „Interbull“ duomenų bazėje ir anketose pateiktą informaciją, buvo atlikta pienujų galvijų fenotipinio vertinimo ir duomenų registravimo sistemų, taikomų skirtingose šalyse, analizė.

3.3.2 lentelėje pateikiama eksterjero požymių vertinimo apžvalga, kurioje nurodyti Europos šalių vertinimo metodai ir rodikliai.

3.3.2 lentelė. Eksterjero požymių vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fiksavimo laikotarpis nuo	Duomenų kriterijai	Oficialaus vertinimo paskelbimo kriterijus	Skelbiamos vertinimo ataskaitos	Genetinio vertinimo modelis	Šaltinis
Norvegija	1987	1 veršiavimasis (580–957 dienos)	dukterys mažiausiai iš 10 skirtingų bandų mažiausiai 70 dukterų su fenotipu;	3	MT–AM	Interbull, 2019
Danija Švedija Suomija	1988	1 veršiavimasis	15 klasifikuotų dukterų	4	Multi lactation BLUP	Interbull, 2016
Estija	1999	1 veršiavimasis (20–42 dienos)	ne mažiau kaip 20 dukterų bent 3 bandose su min. 70 proc. patikimumu	3	ST–BLUP–AM	Interbull, 2017
Lenkija (tik HOL)	1996	1 veršiavimasis	AI buliai, min 10 dukterų	3	ST–BLUP–AM	Apklausa, 2019 Interbull, 2020
Latvija	1996	1 ir 3 veršiavimasis	dukterys mažiausiai 10 skirtingų bandų	3	ST–ML–RR–TD–BLUP–AM	Apklausa, 2019
Lietuva	1997	1 veršiavimasis	mažiausiai 15 dukterų, mažiausia iš 3 bandų	3	MT–AM–BLUP–AM	Apklausa, 2019
Olandija Belgija	1981	karvė turėjo apsi-veršiuoti iki 3 metų amžiaus	10 dukterų	3	MT, AM	Apklausa, 2019
Vokietija	1998	1 veršiavimasis (22–36 mėnesiai)	ne mažiau kaip 10 bandų	3	MT–BLUP–AM	Interbull, 2015

MT – kelių požymių modelis; AM – gyvūnų modelis; BLUP – genetinio vertinimo modelis; ST – vieno požymio modelis; RR – atsitiktinės regresijos modelis; TD – bandymų dienos modelis.

Kai kuriose šalyse genetinių ryšių nustatymas, vertinant produktyvumo savybes, yra skirtingas (3.3.3 lentelė). Nyderlanduose ir Vokietijoje nežinomi tėvai grupuojami pagal kilmės šalį, selekcijos kelią, veislę ir gimimo metus. Atsižvelgiama į visus žinomus tėvus ir jų genetinius ryšius. Danijoje, Švedijoje, Suomijoje, Estijoje, Lietuvoje ir Latvijoje nežinomų tėvų genetinės grupės nustatomos pagal gyvūnų lytį, veislę ir gimimo metus. Norvegijoje ir Lenkijoje nežinomi tėvai grupuojami pagal lytį ir gimimo metus.

Apibendrinant duomenis galime teigti, kad Norvegija yra vienintelė šalis, turinti skirtingą bulių kategoriją, t. y. jie vertina tik po dirbtinio apvaisinimo gimusius bulius. Kitos šalys vertina visus bulius, kurie turi informaciją apie palikuonis, įskaitant vietinius ir atvežtus iš užsienio bei gimusius iš dirbtinio apvaisinimo.

3.3.3 lentelė. Produktyvumo savybių vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fiksavimo laikotarpis nuo	Duomenų redagavimas po veršavimo, mėlžimo dienų	Oficialaus vertinimo paskelbimo kriterijai				Vertinimo ataskaitų skaičius	Genetinio vertinimo modelis	Oficialių vertinimų kriterijai	Šaltinis
			Lakt.	Pieno kiekis, min-max/kg	Rieb. proc.	Balt. proc.				
Norvegija	1979	305	1-3	min 1	1,5- 8	2-6	3	ST-R-AM	≥ 70 dukterų su fenotipu (50 už importuotus AI bulius, iš ≥ ne mažiau 10 bandų)	Interbull, 2019
Danija	1990	-	1-3	-	-	-	4	MT-ML-RR-TD-AM	10 dukterų primilžis ≥ 100 dienų, patikimumas ≥ 60proc.	Interbull, 2017
Švedija	1995	-	1-3	-	-	-	4	MT-ML-RR-TD-AM	10 dukterų primilžis ≥ 100 dienų, patikimumas ≥ 60proc.	
Suomija	1988	-	visos	-	-	-	4	MT-ML-RR-TD-AM	10 dukterų primilžis ≥ 100 dienų, patikimumas ≥ 60proc.	
Lenkija	1976	nuo 5 iki 305	1-3	1-99,9	1,5-9	1-7	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	≥ 10 dukterų	Interbull, 2020
Latvija	1996	nuo 5 iki 330	1-3	3-90	1,5-9	1-7	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Dukterys iš ≥ 10 bandų, patikimumas ≥ 50proc.	Interbull, 2020
Lietuva	1996	nuo 5 iki 330	1-3	3-80	1,5-9	1-7	4	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Dukterys ≥ 25, bandų ≥ 5	Interbull, 2013
Olandija	1990	nuo 5 iki 420	1-3	nėra fiksuojamas pieno kiekis su statusu „nepatikimas“	-	-	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Vietiniai buliai ≥ 15 dukterų virš 120 DIM 5 bandose. Užsieniniai AI buliai ≥ 90proc., kiti AI buliai, patikimumas ≥ 10proc.	Interbull, 2017
Vokietija	1990	nuo 5 iki 330	1-3	-	-	-	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	AI buliai iš ≥ 10 bandų	Interbull, 2019
Estija	1994	-	1-3	3-90	1,5-9	1-7	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	≥ 20 dukterų iš ≥ 3 bandų, Patikimumas ≥ 70proc.	Interbull, 2017

MT – kelių požymių modelis; AM – gyvūnų modelis; BLUP – genetinio vertinimo modelis; ST – vieno požymio modelis; RR – atsitiktinės regresijos modelis; TD – bandymų dienos modelis; ML – mašininis mokymasis; R – regresijos.

Tešmens sveikatos požymio vertinimo duomenų analizė (3.3.4 lentelė) parodė, kad dauguma šalių vertina somatinių ląstelių skaičių ir kitus duomenis, surinktus naudojant ICAR sertifikuotus pieno tyrimų metodus. Tik Nyderlandai ir Norvegija skirtingai vertina šį požymį. Nyderlandai vertina tešmens sveikatos indeksą (UHI) eurais gyvūnui per laktaciją ir taip tikimasi sutaupti, išvengiant ekonominės infekcijos žalos. Tešmens sveikatos įvertinimas yra pagrįstas pirmųjų trijų laktacijų duomenimis, o somatinių ląstelių skaičius – pirmųjų penkių laktacijų duomenimis. Duomenys apie pieno rodiklių registravimą ir klinikinius mastitus surenkami iš ūkio valdymo programų registru. Norvegijoje tešmens sveikata vertinama trimis skirtingais būdais: somatinių ląstelių skaičiumi, klinikiniais mastitais ir kitų ligų įvertinimais. Kitų ligų kategorijai priskiriami registruoti veterinariniai gydymai nuo ketozės, pieno karštinės ar užsilaikiusios placentos atvejų (nuo 15 dienų iki gimdymo ir 120 dienų po gimdymo) ir vaisingumo sutrikimų (cistos kiaušidėse, metritai ir kt.). Norvegijoje į duomenų vertinimą įtraukiamos penkios laktacijos. Klinikiniai mastitai registruojami pagal ūminio ar lėtinio klinikinio mastito veterinarinį gydymą 1, 2 ir 3 laktacijos metu. Ūkiuose yra vedamos kiekvienos karvės sveikatos kortelės. Veterinarijos gydytojai registruoja visus gydymo atvejus ir diagnostiką pagal sveikatos kortelės kodavimo sistemą kartu su identifikaciniu numeriu. Ūkininkas taip pat registruoja gydymus, kuriuos jis gali atlikti (be vaistų). Galiausiai ūkininkas arba konsultantas praneša apie gydymus (nurodant kodus iš sveikatos kortelių) pieno kontrolės sistemai.

Ilgamžiškumo savybių vertinimo duomenų analizė (3.3.5 lentelė) parodė, kad visos keturios šalys, kurios pateikė savo duomenis naudodamos Interbull GE formą, įtraukė visus vertinimui naudotus bulius. Veršiavimosi savybių vertinimas (3.3.6 lentelė) atrodo gana subjektyvus ir priklauso nuo ūkininkų sąmoningumo.

3.3.4 lentelė. Tešmens sveikatos požymio vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fik-savimo laiko-tarpis nuo	Verti-nimas	Oficialaus vertinimo paskelbimo kriterijai	Vertinimo ataskaitos	Genetinio vertinimo modelis	Šaltinis
Norve-gija	1978	SCS, OD, CM	Dukterys iš ≥ 10 skirtingų bandų ≥ 70 dukterų su fenotipu (50 už importuotus AI bulius)	3	SCS:ST-R-AM OD: ML-AM per ligą CM: MT-AM	Interbull, 2019
Danija Švedija Suomija	1990	SCS	Visi buliai su $R \geq 0,40$	4	MT-RR-R-TD-AM	Interbull, 2014
Estija	1994	SCS	≥ 20 dukterų iš ≥ 3 bandų, su $R \geq 0,70$	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Interbull, 2020
Lenkija	1995	SCS	Visi buliai su ≥ 10 dukterų	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Interbull, 2020
Latvija	1996	SCS	Buliai su dukterimis iš ≥ 10 bandų, $R \geq 0,50$	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Interbull, 2010
Lietuva	1996	SCS	Dukterys ≥ 25 , bandos ≥ 5	4	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Interbull, 2013
Olandija, Belgija	1990	UHI, SCS	Buliai: R-30 proc. tešmens sveikatos in-dekso	3	MT-BLUP-AM	Interbull, 2017
Vokietija	1990	SCS	AI buliai su dukterimis iš ≥ 10 bandų, $R > 0,50$	3	ST-ML-RR-TD-BLUP-AM	Interbull, 2015

SCS – somatinių ląstelių kiekis; OD – ligų dažnis; CM – klinikinis mastitas; UHI – tešmens sveikatos indeksas; MT – kelių požymių modelis; AM – adityvinis modelis; BLUP – genetinio vertinimo modelis; ST – vieno požymio modelis; RR – atsitiktinės regresijos modelis; TD – tęstinių dienų modelis; ML – maksimalios tikimybės metodas; R – regresija.

3.3.5 lentelė. Ilgaamžiškumo savybių vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fik-savimo laiko-tarpis nuo	Duomenų kriterijai	Vertinimas	Vertinimo ataskaitos	Genetinio vertini-mo modelis	Šaltinis
Norvegija	1990	1–3 laktacijos	≥ 70 dukterų su fenotipu (50 už importuotus AI bulius) ≥ 10 skirtingų bandų	3	ML–AM	Interbull, 2019
Danija	1985	1–5 laktacijos	$R \geq 50$ proc.	4	AM–MT 5 požymiai	Interbull, 2010
Švedija	1985	1–5 laktacijos	$R \geq 50$ proc.	4	AM–MT 5 požymiai	
Suomija	1988	1–5 laktacijos	$R \geq 50$ proc.	4	AM–MT 5 požymiai	
Olandija Belgija	1988	Visi gyvūnai (informacija iki 72 mėnesių po pirmojo apsiveršiavimo)	Buliai turėtų turėti bent pro-dukcijos savybių įrodymą	3	ST–RR–BLUP–AM	Interbull, 2018
Vokietija	1995	1–3 laktacijos	Dukterys stebėjimui iš ≥ 10 bandų	3	ST–ML–AM–BLUP	Interbull, 2018
Lenkija	1995	1 apsiveršiavimo amžius tarp 18–40 mėnesių	$R \geq 0,2$ proc.	3	Įprastinis vertinimas	SLU, 2019 Interbull, 2020

R – patikimumas; ML – maksimalios tikimybės metodas; AM – adityvinis modelis; MT – kelių požymių modelis; ST – vieno požymio modelis; RR – atsitiktinės regresijos modelis; BLUP – genetinio vertinimo modelis.

3.3.6 lentelė. Veršiamosios požymių vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fiksavimo laikotarpis nuo	Duomenų kriterijai	Vertinimas	Vertinimo ataskaitos	Genetinio vertinimo modelis	Šaltinis
Norvegija	Vaisiaus žūtis, neštumo trukmė 1978, veršiamosios lengvumas 1989, veršelių dydis –2022	Vaisiaus žūtis, neštumo trukmė, veršiamosios lengvumas, veršelių svoris	Dukterys iš ≥ 10 skirtingų bandų ≥ 70 dukterų su fenotipu (50 už importuotus AI bulius)	3	ST-AM	Interbull, 2020
Danija	1985	Veršiamosios	R iš motinos pusės ≥ 35 proc.; tiesioginiai požymiai ≥ 50 , ≥ 35 dukterų/veršiamosios	4	MT	Interbull, 2016
Švedija	1992	Veršiamosios		4	MT	
Suomija	1985	Veršiamosios		4	MT	
Olandija Belgija	1986	Veršiamosios lengvumas, distocija, gimimo svoris, apskaičiuota neštumo trukmė	Naminiai buliai: tiesioginis poveikis R ≥ 35 proc. Užsieniniai buliai: ≥ 90 proc. dėl gyvybingumo požymių, lengvas veršiamosios požymis, tiesioginiai ir iš motinos pusės	3	MT-BLUP-AM	Interbull, 2010
Vokietija	Veršiamosios lengvumas 2000	Veršiamosios lengvumas, vaisiaus žūtis	AI karvių ar veršelių buliai su R ≥ 35 proc.	3	MT-ML-BLUP-AM	Interbull, 2018

ST – vieno požymio modelis; AM – adityvinis modelis; MT – kelių požymių modelis; BLUP – genetinio vertinimo modelis; ML – maksimalios tikimybės modelis.

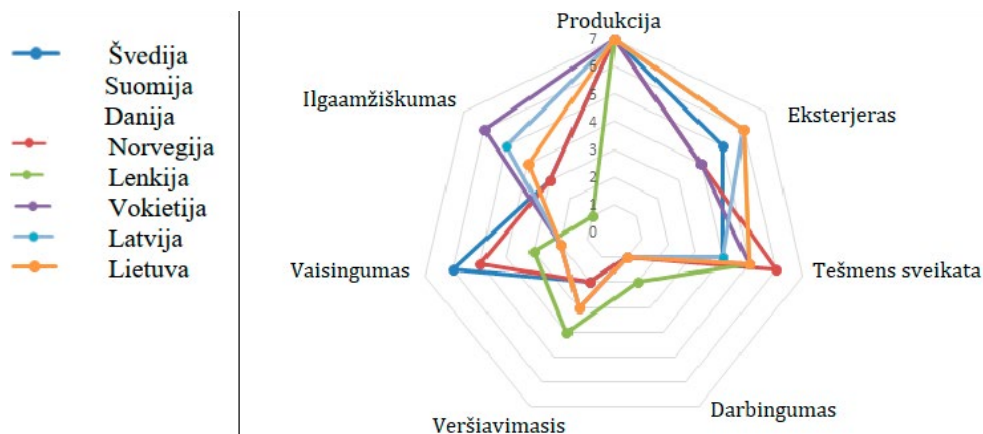
Veršiamosi savybių vertinimas (3.3.6 lentelė) yra gana subjektyvus ir labai priklauso nuo ūkininkų sąmoningumo. Nyderlanduose apie naujai gimusius veršelius ūkininkai praneša balsu/telefonu arba per internetines sistemas. Ūkininkai įvertina veršiamosi sunkumą ir veršelio gimimo svorį bei nėštumo trukmę (apskaičiuojama pagal apsėklinimo ir veršiamosi datą). Vokietijos ūkininkai praneša apie veršiamosi lengvumą ir gimusius negyvus veršelius. Norvegijos ūkininkai fiksuoja negyvus veršelius, veršelių svorį ir jų panaudojimą. Jie subjektyviai vertina apsiveršiamimo sunkumą. Ūkininkai arba konsultantai praneša apie įvykius pieno kontrolės sistemai.

Darbingumas yra palyginti nauja požymių grupė, įskaitant melžimo greitį ir gyvūno temperamentą. Įvairiose šalyse temperamento vertinamas (3.3.7 lentelė) atliekamas pagal skirtingą skalę ir yra subjektyviai vertinamas ūkininkų. Vokietijoje pieno srautas (kg/min.) apibrėžiamas kaip vidutinis pieno primelžimas per minutę, matuojamas mašina, o melžimo greitį ūkininkai nustato subjektyviai. Į genetinį vertinimą įtraukiamos tik pirmosios laktacijos karvės. Norvegijoje ūkininkai subjektyviai vertina temperamentą, melžimo greitį ir srautą pagal 3 lygių skalę. Vertinimą 3 lygių skalėje ūkininkai atlieka lygindami karvę su kitomis bandos pirmaveršėmis karvėmis. Pieno kontrolės sistema pateikia priminimą dėl kiekvienos karvės pirmą vertinimo dieną po 45 DIM. Tada atliekamas vertinimas ir apie jį pranešama kitą dieną. Apibendrinus duomenis galima daryti išvadą, kad tik olandų ūkininkai turi reikalavimą, kad gyvūnai būtų registruojami kilmės knygoje, kad būtų įtraukti į vertinimo sistemą.

3.3.7 lentelė. Darbingumo vertinimas Europos šalyse

Šalis	Duomenų fiksavimo laikotarpis nuo	Duomenų kriterijai	Vertinimo kriterijai oficialiam paskelbimui	Vertinimo ataskaitų skaičius/publikacijos per metus	Genetinio vertinimo modelis	Šaltinis
Norvegija	Veršiavimasis 1989, Temperamentas 1987	Temperamentas – 3 lygių skalė: (1- lengvas, 2 – vidutinis, 3 –suaržytas). Melžimo greitis 3 lygių skalė: 1 – greitas, 2 – vidutis, 3 –lėtas) Pieno prabėgimas: 1 – nėra, 2 – šiek tiek, 3 – akivaizdus)	$R > 0,5$	3	Temperamentas: ST-MA Pieno srauto greitis: ST-AM	Interbull, 2019
Danija Švedija Suomija	1988 (2008)	Pieningumas (skalė 1–9) Temperamentas (skalė 1–9)	15 klasifikuotų dukterų	4	ST-AM-BLUP	Interbull, 2014
Olandija	1994	Melžimo greitis skalė 1–9 Temperamentas melžimo metu 1-9	Buliai $R \geq 30$ proc. Karvės $R \geq 10$ proc.	3	MT-BLUP-AM	Interbull, 2016
Vokietija	1990	RZD = informacija iš išmatuoto pieno (kg/min.) ir melžimo greičio (skalė 1–5 temperamento skalė 1–5	RZD: \geq pieno greitis 20 dukterų iš 10 bandų ar ≥ 10 dukterų pieno srauto greitis iš 5 bandų	3	MT-AM	Interbull, 2016

Siekiant išsiaiškinti skirtingų fenotipinių požymių svarbą veisimo programose įvairiose šalyse, buvo sukurtas klausimynas. Klausimynas išsiųstas įvairių šalių veisimo organizacijoms, gauti duomenys apibendrinti 3.3.1 paveiksle.



3.3.1 pav. Skirtingų fenotipinių požymių svarbos įvertinimas (vertinimas nuo 0 iki 7, kur 7 yra aukščiausias įvertinimas)

Kaip matyti iš 3.3.1 paveikslo, veisimo organizacijoms svarbiausi požymiai yra produktyvumas, eksterjeras ir tešmens sveikata. Kiti požymiai, tokie kaip ilgaamžiškumas ir vaisingumas, skirtingų šalių veisimo programose turi skirtingą reikšmę. Subjektyviai vertinamos veršiavimosi ir darbingumo savybės. Visų požymių svoris turėtų turėti vienodą išraiškos pagrindą, kurį sunku pasiekti subjektyviai vertinamiems požymiams. Daugelyje veisimo programų tikslai nėra tinkamai apibrėžti. Jei veislininkystės organizacijos nori išplėsti savo veisimo programas, įtraukdamos naujus požymius, jų sprendimas priklausys nuo teisingai apibūdintų požymio savybių. Be to, veisimo programų veiklos rezultatai matomi tik po daugelio metų, tad investicijos į veisimo programas dažnai yra susijusios su greičiau įvertinamų požymių matavimu ir genetiniu vertinimu.

3.4. Genetinių tyrimų įvertinimas

3.4.1. Imunogenetinių tyrimų analizė

Tarpveislinė genetinė analizė, remiantis imunogenetiniais duomenimis, buvo atlikta dviem populiacijoms: LŽ galvijų atviroje ir senojo genotipo, kuri padalinta į dvi subpopuliacijas. Pirmoji subpopuliacija – Skaistgirio ŽŪB – 2001 metais suformuota senojo genotipo banda, kuri buvo veisiama

grynuoju būdu. Antroji subpopuliacija – LSMU Gyvulininkystės instituto – šiai dienai vienintelė išlikusi senojo genotipo banda.

Analizuojamose populiacijose nustatyti 186 aleliai visose devyniose kraujo grupių sistemų lokusuose (3.4.1.1 lentelė).

3.4.1.1 lentelė. Lietuvos žaliųjų galvijų atviros ir senojo genotipo populiacijų kraujo sistemų genetinės įvairovės parametru suvestinė statistika pagal atskirus lokusus

Populiacija	Lokusas	Na	<i>Ho</i>	<i>He</i>	Tikimybė	Reikšmingumas
Lietuvos žaliųjų galvijų atvira populiacija (LŽAP)	EAA	3,000	0,586	0,417	0,001	***
	EAB	38,000	1,000	0,951	0,992	
	EAC	37,000	1,000	0,956	0,000	***
	EAF	3,000	1,000	0,553	0,000	***
	EAJ	2,000	0,343	0,284	0,039	*
	EAL	2,000	0,374	0,304	0,022	*
	EAM	2,000	1,000	0,500	0,000	***
	EAS	4,000	0,879	0,591	0,000	***
	EAZ	2,000	0,485	0,367	0,001	**
	Mean	10,333	0,741	0,547	–	–
LSMU GI subpopuliacija (LSMU GI)	EAA	2,000	0,750	0,469	0,001	***
	EAB	9,000	1,000	0,850	0,557	
	EAC	20,000	1,000	0,872	0,817	
	EAF	3,000	1,000	0,515	0,000	***
	EAJ	2,000	0,188	0,170	0,558	
	EAL	2,000	0,031	0,031	0,928	
	EAM	2,000	1,000	0,500	0,000	***
	EAS	4,000	1,000	0,571	0,000	***
	EAZ	2,000	0,375	0,305	0,192	
	Mean	5,111	0,705	0,476	–	–
SKAISTGIRIO ŽŪB subpopuliacija	EAA	2,000	0,459	0,354	0,020	*
	EAB	11,000	1,000	0,829	0,085	
	EAC	19,000	1,000	0,900	0,000	***
	EAF	3,000	1,000	0,508	0,000	***
	EAJ	2,000	0,148	0,137	0,534	
	EAL	2,000	0,475	0,362	0,015	*
	EAM	2,000	1,000	0,500	0,000	***
	EAS	4,000	0,967	0,723	0,000	***
	EAZ	2,000	0,246	0,216	0,274	
	Mean	5,222	0,699	0,503	–	–

Na – vidutinis alelių skaičius; *Ho* – realusis heterozigotiškumas; *He* – lauktinas heterozigotiškumas.

* $p < 0,05$, ** $p < 0,01$, *** $p < 0,001$.

Genetinės įvairovės analizė atskleidė, kad genetiškai informatyviausi buvo EAC ir EAB lokusai. Atviroje populiacijoje nustatyta, kad EAB lokuse yra 38 aleliai, o EAC lokuse – 37 aleliai. LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje EAB lokuse alelių įvairovė daug mažesnė ir sudaro 24 proc. atviros populiacijos LŽ, o EAC lokuse – 54 proc. Skaistgirio subpopuliacijoje EAB lokuse alelių skaičius sudaro 29 proc. atviros populiacijos, o EAC lokuse – 51 proc.

Visose analizuojamose populiacijose nustatytos aukščiausios heterozigotiškumo (*Ho*) reikšmės. EAC lokuse atviroje populiacijoje buvo stebima aukšta heterozigotiškumo (*He*) reikšmė, siekianti 0,956, o mažiausia – 0,872, LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje. Tuo tarpu EAB lokuse mažiausia *He* reikšmė – 0,829 – buvo nustatyta Skaistgirio subpopuliacijoje, o aukščiausia – 0,951 – atviroje populiacijoje.

Vidutinės heterozigotiškumo (*He*) ir homozigotiškumo (*Ho*) reikšmės atviroje populiacijoje buvo didžiausios, atitinkamai 0,547 ir 0,741. Mažiausios heterozygotiškumo reikšmės – 0,476 – buvo stebimos LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje, o mažiausios homozigotiškumo reikšmės – 0,699 – Skaistgirio subpopuliacijoje.

Hardy-Weinberg pusiausvyros (χ^2) testas parodė statistiškai reikšmingus skirtumus: 8 lokusuose atviroje populiacijoje, 4 lokusuose LSMU Gyvulininkystės instituto ir 6 lokusuose Skaistgirio subpopuliacijose.

Senjo genotipo subpopuliacijose EAB genetinėje sistemoje dažniausiai pasitaikantys aleliai buvo B2Y2P2G', B2Y2P'G'G''Q' ir B2O2. Tačiau aleliai G'' ir G2Y2E'2Q' buvo identifikuoti tik LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje, rodydami genetinį skirtumą tarp šių dviejų subpopuliacijų (3.4.1.2 lentelė).

EAC genetinėje sistemoje alelis C2C' buvo nustatytas kaip būdingiausias abiejose subpopuliacijose. Be to, alelis C' buvo būdingas tik Skaistgirio subpopuliacijoje, tuo tarpu alelis R2 buvo dažnas tik LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje.

EAB genetinėje sistemoje nustatytas atvirai populiacijai būdingiausias alelis – O2A'2 (0,081), o EAC genetinėje sistemoje – C2C''2 (0,096).

3.4.1.2 lentelė. Lietuvos žaliųjų galvijų atviros ir senojo genotipo populiacijų EAB ir EAC sistemų alelių dažnio pokyčių lyginamoji analizė

Lokusas	Aleliai	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO	Lokusas	Aleliai	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO
EAB	A'2	0,01			EAC	C'		0,016	0,082*
	A'2G''	0,01				C''2	0,035		
	B2G2Y2O'	0,015				C2C'	0,02	0,125*	0,107*
	B2G2O2	0,015		0,008		C2C''2	0,096*		
	B2Y2P2G'	0,005	0,219*	0,213*		C2C'C''2	0,01		
	B2Y2P'G'G''Q'	0,04	0,125*	0,189*		C2E	0,02		
	B2O2	0,071**	0,172*	0,115*		C2EC'	0,01	0,016	
	B2O2B'	0,01				C2ER2	0,025	0,031	0,033
	B2O2Y2D'	0,02	0,016	0,057**		C2EX2	0,045**	0,031	0,016
	B2P'	0,045**				C2R2C''2	0,02		
	D'O'G'	0,02				C2WE	0,045**		0,016
	E'2	0,005				C2WER2	0,02		
	E'2G'Q'	0,01				C2WEX2	0,015	0,047**	0,016
	G''	0,03	0,109*			C2WR2	0,045**		
	G2Y2D'	0,005				C2WR2C'	0	0,047**	0,156*
	G2Y2E'2Q'	0,045**	0,078*			C2WX2	0,005	0,016	
	G2Y2O2	0,005				C'C''2	0,03		
	G2Y2O2T2	0,061**				E	0,061**		0,049**
	G2O2	0,01				EC''2	0,02		
	I'	0,01				EX2	0,005		
I2	0,045**		0,008	R2	0,025	0,094*	0,033		
Y2	0,01			R2C'	0	0,031	0,09*		

3.4.1.2 lentelės tęsinys

Lokusas	Aleliai	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO	Lokusas	Aleliai	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO
EAB	Y2A'2	0,02			EAC	R2C''2	0,04**		
	Y2Y'	0,04**	0,094*	0,082*		R2L'	0,005		0,008
	Y2Y'E'2			0,016		WC'	0,005	0,047**	0,016
	I2O2E'2QQ'	0,045**		0,016		WC''2	0,005		
	I2Q'	0,01				WE	0,015	0,031	0,016
	O'	0,005				WEC''2	0,051**		
	O2	0,03				WEX2	0,03	0,016	
	O2A'2	0,081*				WR2	0,04**	0,031	0,066**
	O2G''	0,015				WR2C'	0,01	0,031	0,008
	O2I'A'2	0,02	0,016	0,041**		WR2C''2	0,025		
	O2O'J'2	0,015				WX2	0,015	0,016	0,033
	P2I'	0,051**				WX2C'	0,005		
	Q	0,015				WX2C''2	0,015		
	Q'	0,02				X2	0,035	0,016	0,033
	QE'2	0,005				X2C'		0,031	0,033
	QE'2D'G''	0,01				X2C''2	0,035		
B-	0,116*	0,172*	0,254*	X2L'	0,01	0,031			
				X2R2C''2	0,015				
				C-	0,086*	0,297*	0,189*		

* Dažniausiai pasitaikantys aleliai ($p \geq 0,075$); ** vidutinio dažnumo aleliai (0,04–0,0074).

3.4.1.3 lentelėje pateikti vidutiniai genetinių parametrų duomenys rodo, kad didžiausias vidutinis alelių skaičius buvo užfiksuotas atviroje populiacijoje (10,333). Tuo tarpu Skaistgirio ir LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijose vidutiniai alelių skaičiai buvo 50 proc. mažesni. Aukščiausi heterozigotiškumo rodikliai nustatyti atviroje populiacijoje: realusis heterozigotiškumas (H_o) siekė 0,741, o lauktasis heterozigotiškumas (H_e) – 0,547. Žemiausios H_o reikšmės, kurios siekė 0,699, užfiksuotos Skaistgirio subpopuliacijoje, o H_e (0,476) – LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje.

3.4.1.3 lentelė. Lietuvos žaliųjų senojo genotipo ir Lietuvos žaliųjų atviros populiacijos galvijų genetinės įvairovės parametrų vidurkiai (M) ir jų standartinės paklaidos (SE)

Populiacija	Reikšmė	Na	H_o	H_e
LŽAP	M	10,333	0,741	0,547
	SE	5,140	0,096	0,084
LSMU GI	M	5,111	0,705	0,476
	SE	2,010	0,133	0,093
SKAISTGIRIO	M	5,222	0,699	0,503
	SE	1,977	0,121	0,089

Na – vidutinis alelių skaičius; H_o – realusis heterozigotiškumas; H_e – lauktinas heterozigotiškumas.

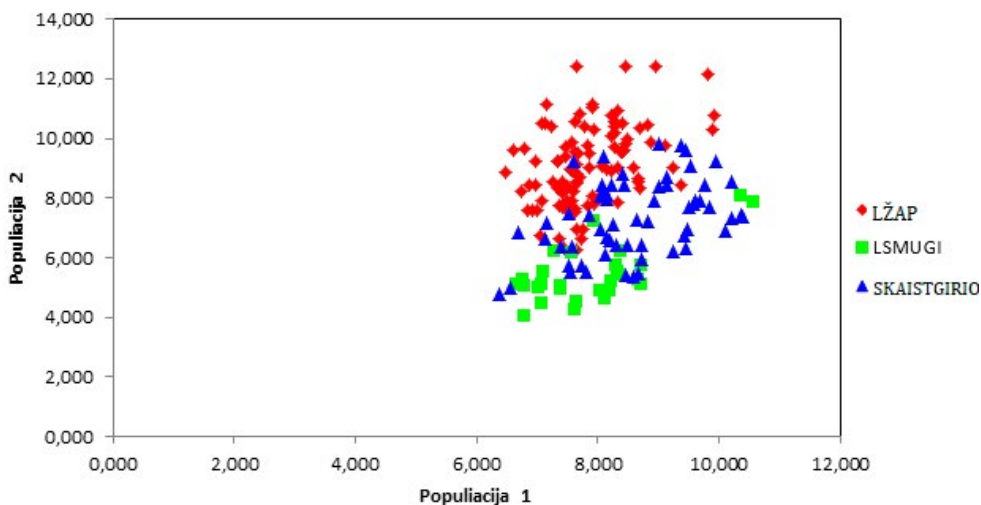
Didžiausias genetinis atstumas, matuojamas Nei genetinio atstumo metodika (3.4.1.4 lentelė), nustatytas tarp Skaistgirio subpopuliacijos ir atviros populiacijos, yra 0,040. Šis rodiklis rodo, kad šių populiacijų alelių dažnių skirtumai yra didesni, parodantys didesnę genetinę diferenciaciją. Tuo tarpu mažiausias genetinis atstumas, kuris yra 0,033, nustatytas tarp LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijos ir atviros populiacijos; jis atspindi artimesnę genetinę ryšį ir mažesnius alelių dažnių skirtumus tarp šių dviejų grupių.

3.4.1.4 lentelė. Standartinių genetinių distancijų pagal Nei (žemiau diagonalės) ir F_{st} (virš diagonalės) nustatytos reikšmės tarp populiacijų

Populiacija	Dviejų populiacijų porinė Nei genetinio atstumo matrica			Dviejų populiacijų porinės F_{st} reikšmės		
	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO	LŽAP	LSMU GI	SKAISTGIRIO
LŽAP	0,000	–	–	0,000	–	–
LSMU GI	0,033	0,000	–	0,019	0,000	–
SKAISTGIRIO	0,040	0,038	0,000	0,016	0,024	0,000

Didžiausia populiacijų diferenciacija pagal F_{st} reikšmę (0,024), nustatyta tarp Skaistgirio subpopuliacijos ir LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijos. Ji parodo, kad tarp šių dviejų grupių yra tam tikras, nors ir ne itin didelis, genetinis skirtumas. Ši reikšmė parodo, kad, nepaisant to, jog populiacijos bendrai dalijasi dauguma genetinių variantų, apie 2,4 proc. genetinės įvairovės yra specifinė kiekvienai iš šių grupių. Mažiausia F_{st} reikšmė – 0,019 – tarp LSMU GI subpopuliacijos ir atviros populiacijos rodo dar mažesnę genetinę diferenciaciją tarp šių grupių.

3.4.1.1 paveiksle pateikti individų priskyrimo prie populiacijos testo rezultatai rodo, kad LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacija persidengia su Skaistgirio subpopuliacija, o ši, savo ruožtu, persidengia su atvira populiacija. Tai leidžia manyti, kad genetiniai ryšiai tarp šių populiacijų yra glaudūs ir sudaro tarpusavio sąveikos modelį, kuris gali būti susijęs su genų mainais.



3.4.1.1 pav. Individų priskyrimo populiacijoms testo rezultatai, vaizduojantys visų tiriamųjų tarpusavio ryšį

Išanalizavus tirtus galvijus (3.4.1.5 lentelė) nustatyta, kad 77 proc. atviros populiacijos galvijų buvo priskirti sava populiacijai, o 23 proc. – kitoms populiacijoms.

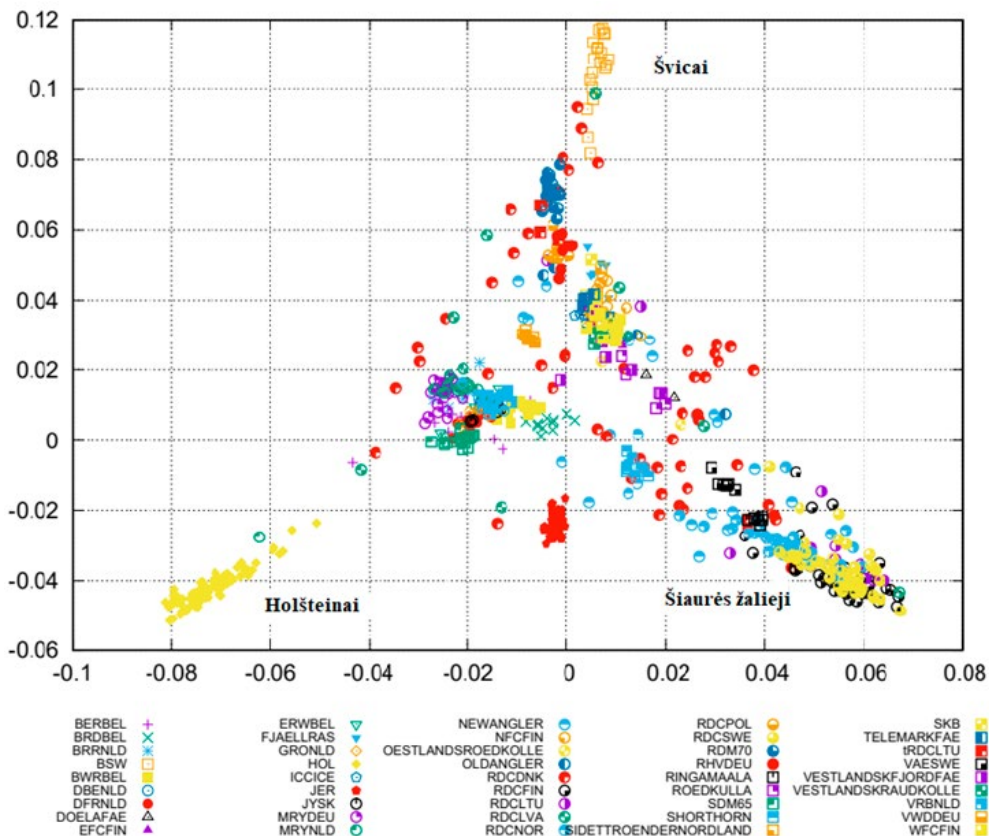
3.4.1.5 lentelė. Populiacijų klasifikavimo pagal genetinę priklausomybę rezultatai

Populiacija	Sava populiacija (proc.)	Kita populiacija (proc.)
LŽAP populiacija	76 (77 proc.)	23 (23 proc.)
LSMU GI subpopuliacija	30 (94 proc.)	2 (6 proc.)
SKAISTGIRIO subpopuliacija	53 (87 proc.)	8 (13 proc.)

LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje 94 proc. galvijų buvo priskirti savai populiacijai ir tik 6 proc. – kitoms. Tuo tarpu Skaistgirio subpopuliacijoje 87 proc. galvijų buvo priskirti savai populiacijai, o 13 proc. – kitoms populiacijoms.

3.4.2. Pavienių nukleotidų polimorfizmo nustatymo rezultatai

Siekiant nustatyti atviros ir senojo genotipo LŽ populiacijų genetinius panašumus tarpusavyje ir su kitomis Europos žалуjų galvijų veislėmis, buvo atlikta pagrindinių komponentų analizė (PCA), tam tikslui buvo atlikta 45 pieninių galvijų veislių genetinė analizė. Pagrindinių komponentų analizė parodė, kad PC 2 ir PC3 komponentuose (3.4.2.1 pav.) galima išskirti tris pagrindines grupes, kurios aiškiai atsiskiria viena nuo kitos, tai yra holšteinai, šiaurės žalieji ir kitos tarpinės veislės. Ypač iš visų veislių išsiskyrė švicų veislės galvijai bei konsoliduoti džersiai. Dalis atviros populiacijos Lietuvos žalujų yra išsibarstę tarp įvairių veislių, bet kita dalis patenka į bendrą grupę su šiaurės žalaisiais. Senojo genotipo Lietuvos žalieji, kartu su senojo genotipo anglerais, išsidėsto arčiau švicų grupės. Tai siejama su Lietuvos žalujų galvijų veislės kuriamojo darbo eigoje naudotomis veislėmis, – pirmuosiuose veislės formavimo etapuose naudoti Danijos žalieji, anglerai, švicai ir kitos veislės.

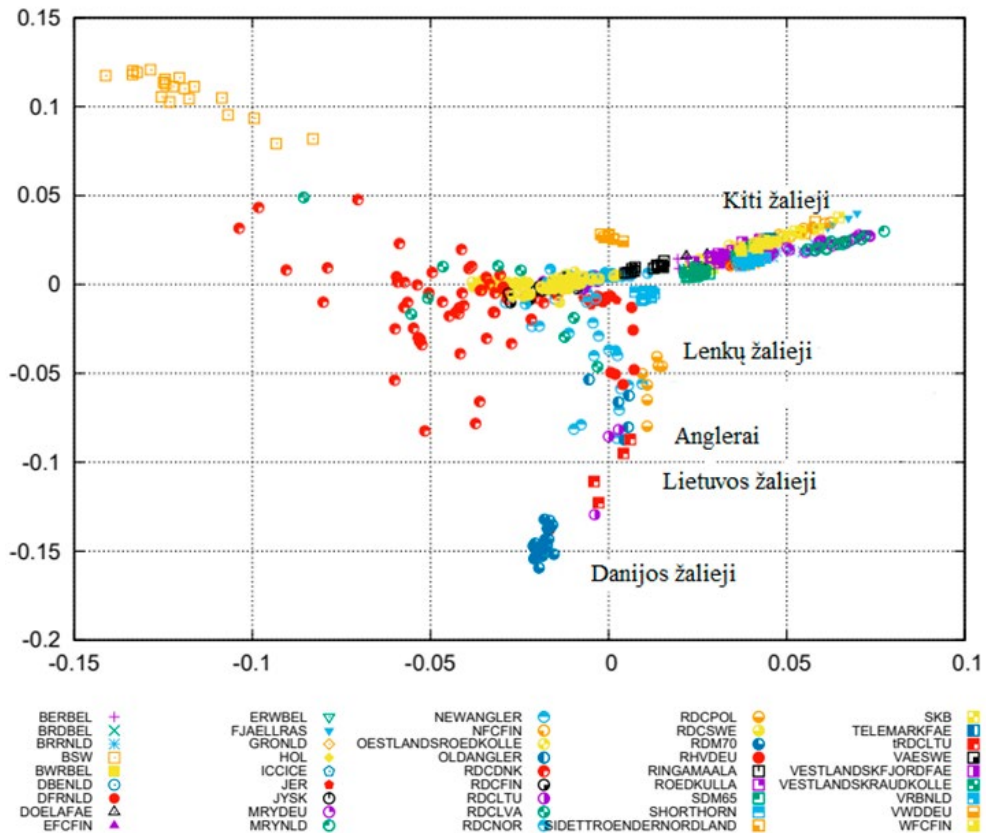


tRDCLTU – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, RDCLTU – atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai.

3.4.2.1 pav. Žalųjų galvijų veislių pasiskirstymas pagal 2 ir 3 komponentes (PC 2 ir 3) (Rediverse duomenys)

Ryškus dabartinių atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų grupavimas kartu su šiaurės žalaisiais galvijais parodo aiškia Lietuvos žaliųjų galvijų gerintojų asociacijos selekcijos kryptį, kuri yra orientuota į bendrą šiaurės šalių žaliųjų galvijų panaudojimą.

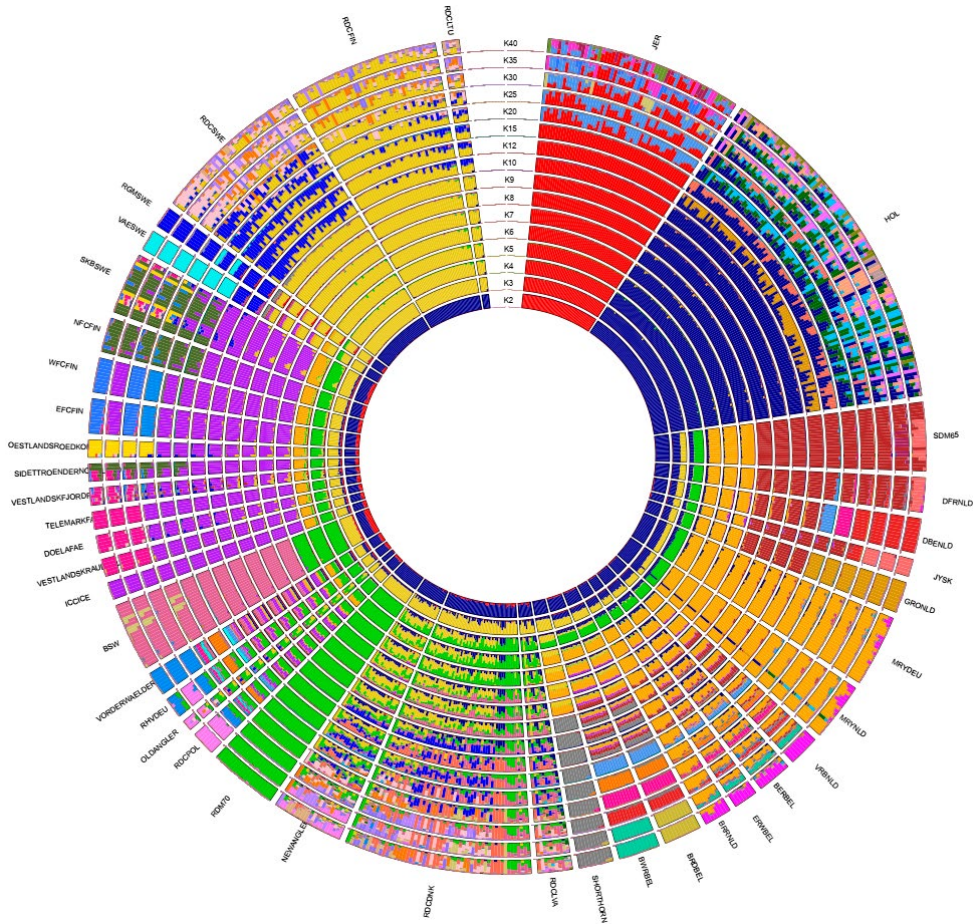
Analizuojant veislių pasiskirstymą (3.4.2.2 pav.) pagal PC 4–5 komponentes ryškiai išsiskiria Danijos žaliųjų šaka, prie kurios artimai išsidėsto ir Lietuvos žalieji galvijai, skirdamiesi nuo visų kitų galvijų veislių grupės. Švicai su moderniais Danijos žalaisiais ir Latvijos žalaisiais taip pat išsiskiria iš kitų veislių žaliųjų galvijų.



tRDCLTU – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, RDCLTU – atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai.

3.4.2.2 pav. Žalųjų galvijų veislių pasiskirstymas pagal 4 ir 5 komponentes (PC 4 ir 5) (Rediverse duomenys)

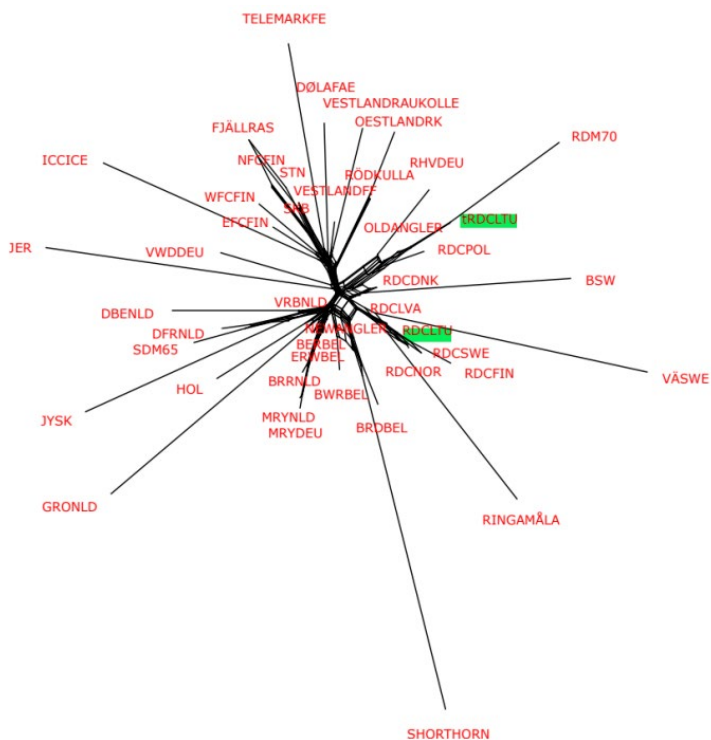
Žalųjų galvijų veislių panašumo diagramoje (3.4.2.3 pav.) pavaizduota, kaip skirtingos veislės pasiskirstė pagal klasterius (nuo K2 iki K40). Modeliu pagrįstas klasterizavimas parodė sudėtingą atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų genetinę kilmę. K10–K4 klasteriuose aiškiai matomos skirtingos protėvių populiacijos, prisidėjusios prie šios veislės formavimosi. Kai kuriose individuose buvo pastebimas mišrios kilmės elementas su Danų žalaisiais ir Švicų protėviais. Iš šio paveikslo matome, kad atvira Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija genetiškai panašiausia į Suomų žaliųjų galvijų populiaciją.



RDCLTU – atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai.

3.4.2.3 pav. *Žalųjų galvijų veislių panašumo diagrama (ReDiverse duomenys)*

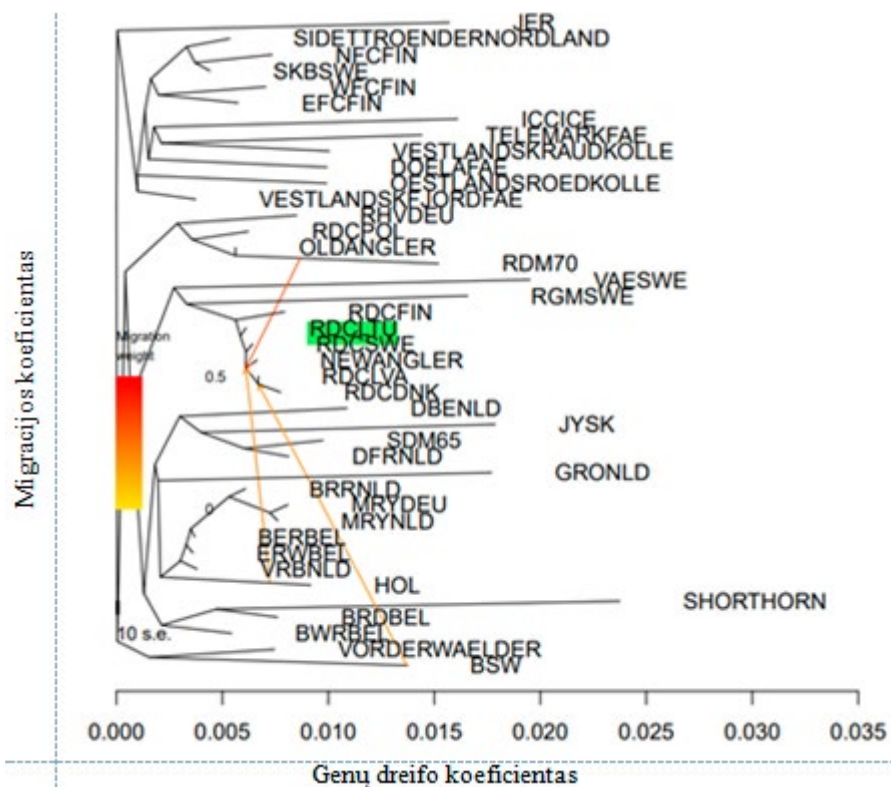
Santykį tarp populiacijų parodo filogeninis jų grupavimas, atsižvelgiant į veislių genetinį panašumą (3.4.2.4 pav.). Ankstesni duomenys parodė, kad atviros populiacijos Lietuvos žalieji patenka į vieną klasterį kartu su švedų, suomių ir norvegų žaliųjų galvijų veislėmis. Atviros Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijos priskyrimas šiaurės šalių klasteriui puikiai atspindi kryptingo ir ilgalaikio veislės gerinimo darbo, vykdomo Lietuvos žaliųjų galvijų gerintojų asociacijos, rezultatus. Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai grupuojami su senaisiais danų žalaisiais (RDM70), senaisiais anglerų veislės galvijais bei kaimyniniais Lenkijos žalaisiais. Tai parodo iki 2007 metų vykdytos veisimo programos rezultatus, nes tyrimams naudoti senojo genotipo Lietuvos žaliųjų atkūrimui mažiausiai pagerinti buliai.



tRDCLTU – senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai, RDCLTU – atviros populiacijos Lietuvos žalieji galvijai.

3.4.2.4 pav. Žalųjų galvijų veislių grupavimas, naudojant kaimyninį tinklą (ReDiverse duomenys)

Genetinių tyrimų duomenys parodė, kad iš žaliųjų galvijų populiacijos ryškiai išsiskiria holšteinai ir formuoja atskirą veislinę grupę su ryškiais genetiniais skirtumais (3.4.2.5 pav.).



RDCLTU-atvira Lietuvos žaliųjų galvijų populiacija.

3.4.2.5 pav. Galimo genų dreifo tarp žaliųjų galvijų populiacijų filogeninis medis (Rediverse duomenys)

Genetinių išteklių saugojimui svarbi senojo genotipo Danijos žaliųjų (RDM 70) grupė su jiems giminingomis veislėmis formuoja kitą genetinę grupę kuriai galima priskirti Rotes Höhenvieh veislę, atkurtą iš 20 negrynaveislių galvijų Vokietijoje. Tradicinės senosios šiaurės šalių veislės formuoja vieną ar kelias atskiras skandinaviškas grupes, įskaitant ir Islandiją. Šiuolaikinės atviros Lietuvos, Švedų, Norvegijos, Suomijos ir Latvijos žaliųjų galvijų veislės yra priskiriamos vienai grupei kartu su joms giminingomis Švedijos vietinėmis Ringamålos ir Väneko veislėmis.

3.5. Simuliacinių ekonominių verčių nustatymo rezultatai

Šiame tyrime buvo apskaičiuotos funkcinių požymių ekonominės vertės, išreiškiamos kaip ekonominės pasekmės per vienerius karvės metus trims Lietuvos pieninių galvijų veislėms (atvirai Lietuvos žaliųjų galvijų popula-

cijai, senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų populiacijai ir atvirai Lietuvos juodmargių galvijų populiacijai), pateiktos 3.5.1 lentelėje.

3.5.1 lentelė. Funkcinių požymių ribinės ekonominės vertės, Eurais

Požymių kompleksas	Požymis, vnt.	Ribinės EV		
		LŽAP	LŽSG	LJAP
Produktyvumas	ECM, kg	0,16	0,21	0,16
Sveikata	Mastitas, proc.	-1,73	-1,64	-1,82
	Šlubavimas (kojų ligos), proc.	-1,22	-1,07	-1,27
	Ketozė, proc.	-1,13	-1,01	-1,30
	Pieno karštinė, proc.	-1,26	-1,14	-1,26
	Metritas, proc.	-0,95	-0,98	-1,00
Veršiavimasis	Distocija, proc.	-1,23	-1,32	-1,31
	Vaisiaus žūtis, proc.	-1,87	-1,76	-2,19
Veršelių išgyvenamumas	Ankstyvas veršelių gaištamumas, proc.	-1,14	-1,30	-1,70
	Vėlyvas veršelių gaištamumas, proc.	-3,49	-2,63	-3,51
Karvių išgyvenamumas	Karvių gaištamumas, proc.	-11,44	-9,18	-10,77
Vaisingumas	Telyčių apvaisinimo indeksas, proc.	1,04	0,71	0,81
	Karvių apvaisinimo indeksas, proc.	1,95	1,96	3,82
	Telyčių rujos nustatymo indeksas, proc.	0,59	0,51	0,37
	Karvių rujos nustatymo indeksas, proc.	1,63	1,75	2,74

Lietuvos žalujų galvijų atviros populiacijos (LŽAP) ir Lietuvos juodmargių galvijų atviros populiacijos (LJAP) ekonominės vertės (EV) pagal 1 kg perskaičiuoto pieno (ECM) buvo vienodos – 0,16 Eur/kg ECM. Lietuvos žalujų galvijų senojo genotipo populiacijos (LŽSG) EV buvo didesnė – 0,21 Eur/kg ECM. Tam įtakos turėjo mažesnės pašarų sąnaudos dėl mažesnio LŽSG galvijų primilžio. Ligų požymių EV išreiškiamos kaip ekonominės pasekmės per vienerius karvės metus dėl vidutinio sergamumo padidėjimo vienu procentu. EV padauginus iš 100, išreiškiamos bendros išlaidos, tenkančios vienam atitinkamos ligos atvejui. Didžiausia visų sveikatos požymių EV buvo LJAP, šiek tiek mažesnė – LŽAP ir mažiausia – LŽSG ribinėje skalėje. Lyginant Lietuvos žalujų galvijų atvirą ir senojo genotipo populiacijas nustatyta, kad sveikatos požymių ekonominės vertės mažesnės LŽSG, išskyrus esant metritui. Didžiausia EV buvo nustatyta mastito atveju visose trijose veislėse. Rezultatai parodė, jog bendros išlaidos vienam mastito atvejui svyruoja nuo 164,00 iki 182,00 eurų, įskaitant tiesiogines išlaidas, tokias kaip veterinarinis

gydymas ar finansiniai nuostoliai dėl pieno pašalinimo ir papildomų darbo sąnaudų. Nagų ligų atveju nustatyti nuostoliai siekia nuo 107,00 iki 127,00 eurų. Tiesioginių sveikatos požymių EV buvo nustatyta ketozei (nuo 101,00 iki 130,00 eurų vienam atvejui), pieno karštinei (nuo 114,00 iki 126,00 eurų vienam atvejui) ir metritui (nuo 95,00 iki 100,00 eurų vienam atvejui). Tiesioginių sveikatos požymių EV turėjo įtakos pieno primilžių skirtumai, pavyzdžiui, dėl mažesnio LŽSG veislės primilžio našumo mažėja ekonominė vertė, nes su pienu patiriama mažiau ekonominių nuostolių.

Didžiausia ekonominė distocijos vertė apskaičiuota LŽSG (-1,32 euro), o mažiausia – LŽAP (-1,23 euro) veislėse. Siekiant išvengti dvigubo skaičiavimo, regresinėje analizėje distocija buvo koreguojama pagal karvių ir veršelių gaištamumo duomenis. LJAP parodė didžiausią vaisiaus žūtis EV (už požymio vieneto ir karvės metų pokytį), kuris buvo -2,19 euro, šiek tiek mažesnė EV buvo LŽAP (-1,87 euro) ir LŽSG (-1,76 euro) veislių. Didžiausia EV dėl ankstyvo veršelių gaištamumo buvo įvertinta LJAP (-1,70 euro), mažesnė – LŽSG (-1,30 euro) ir LŽAP (-1,14 euro) veislių. LŽAP ir LJAP vėlyvojo veršelių gaištamumo ekonominės vertės buvo panašios – nuo -3,51 iki -3,49 euro, o LŽSG siekė -2,63 euro. Didžiausi ekonominiai nuostoliai tarp veislių dėl karvių gaištamumo nustatyti LŽSG (-918 eurų), LŽAP (-1144 eurais) ir LJAP (-1077 eurais) veislėse.

Pajamų ir išlaidų analizė. Simuliacinių ekonominių verčių analizė (3.5.2 lentelė) parodė, kad tokie funkciniai požymiai kaip mastitas, vaisiaus žūtis, vėlyvasis veršelių bei karvių gaištamumas yra ekonomiškai itin svarbūs. Tai lėmė išsamų tyrimą, kurio tikslas – gilinimasis į pajamų ir išlaidų struktūrą. Tyrimo metu buvo detalizuotai išnagrinėta, kaip skiriasi pajamos, gaunamos iš pieno, skerdenos, veršelių ir telyčių pardavimo, bei išlaidos, susijusios su karvių auginimu, jų šėrimu, sėklinimu ir sveikatos priežiūra. Tyrimas apima dviejų skirtingų scenarijų – „žemo“ ir „aukšto“ – analizę, siekiant išryškinti, kaip šie funkciniai požymiai veikia ekonominę naudą skirtingose veislėse.

3.5.2 lentelė. Ekonominės pajamos ir išlaidos (eurais) dėl LJAP, LŽAP ir LŽSG veislių mastito, vaisiaus žūties skaičiaus, vėlyvojo veršelių bei karvių gaištamumo padidėjimo 1 procentiniu punktu

	Mastitas			Vaisiaus žūtis			Vėlyvasis veršelių gaištamumas			Karvių gaištamumas		
	LŽAP	LŽSG	LJAP	LŽAP	LŽSG	LJAP	LŽAP	LŽSG	LJAP	LŽAP	LŽSG	LJAP
PAJAMOS												
Pienas	-71,36	-62,47	-70,22	-1,45	0,61	-0,02	-0,40	-0,15	0,24	-3,58	-0,56	-4,04
Skerdžiamos karvės	7,15	6,08	5,02	-1,63	-1,83	-2,78	-0,18	-0,41	-0,13	-4,72	-3,88	-4,69
Veršeliai	0,99	0,52	1,11	-4,99	-5,07	-6,60	-0,09	-0,12	-0,19	0,51	0,57	0,92
Skerdžiamos telyčios	0,11	0,29	-0,14	-0,62	-0,50	-1,10	-0,06	0,02	-0,09	-0,09	-0,07	0,46
Gyvos telyčios	-13,73	-9,98	-18,30	-18,74	-18,69	-21,57	-3,43	-2,76	-4,67	-15,81	-14,48	-18,41
Viso pajamų:	-76,68	-65,54	-81,62	-27,52	-25,55	-32,11	-4,09	-3,41	-4,77	-23,98	-18,52	-26,60
IŠLAIDOS												
Pašarai karvėms	-16,32	-14,61	-16,43	-0,60	0,01	-0,19	-0,14	-0,08	0,06	-0,72	0,22	-0,98
Pašarai telyčioms	4,09	4,00	1,40	-12,69	-12,12	-14,26	-1,05	-0,97	-1,32	1,27	2,76	3,00
Veislinės karvės	-0,06	-0,07	-0,22	-0,05	-0,06	-0,26	0,00	-0,01	-0,04	-0,05	-0,03	-0,06
Veislinės telyčios	0,11	0,08	0,06	-0,28	-0,26	-0,77	-0,03	-0,02	-0,10	0,04	0,07	0,21
Veterinarinės išlaidos	35,59	36,79	34,65	-0,18	-0,10	-0,39	0,09	-0,02	0,13	-1,12	-1,32	-1,24
Kitos išlaidos karvėms	0,18	0,16	0,20	0,48	0,49	0,46	-0,01	-0,01	-0,01	0,90	0,87	0,93
Kitos išlaidos telyčioms	0,80	0,82	0,27	-2,45	-2,35	-2,71	-0,12	-0,10	-0,15	0,24	0,54	0,58
Viso išlaidų:	24,85	27,63	20,14	-17,20	-15,76	-20,13	-1,38	-1,32	-1,62	0,71	3,44	2,86

Pajamų analizė parodė, kad neigiama ekonominė grąža už pieną, t. y. prarasti pardavimai, būdinga visoms veislėms, tačiau didžiausia buvo LŽAP (–71,36 euro) ir LJAP (–70,22 euro) veislių, o mažiausia – LŽSG (–62,47 euro), ir visa tai lėmė primilžių skirtumai. Didžiausios pajamos už paskerstas karves buvo gautos iš LŽAP, o mažiausios – iš LJAP veislių. Nuostoliai už neparduotas telyčias buvo skirtingi: mažiausias nuostolis nustatytas LŽSG, o didžiausias – LJAP veislių. Visos pajamos buvo susumuotos kaip bendrosios, o LJAP ir LŽSG veislėse buvo įvertintos didžiausios ir mažiausios pajamos. Karvių gydymas ir šėrimas sudarė visų veislių ekonomines išlaidas. Didžiausios mastito sukeltos išlaidos buvo įvertintos LŽSG. Didžiausią jų dalį sudarė veterinarinės išlaidos. Šiems rezultatams įtakos galėjo turėti tai, kad LŽSG veislės karvių laktacijos amžius buvo didžiausias [104].

Šie duomenys taip pat pabrėžia, kad vaisiaus žūties skaičiaus padidėjimas ne tik mažina galimas pajamas iš gyvų telyčių, veršelių ir skerdziamų karvių pardavimo, bet ir ženkliai didina veiklos išlaidas, visų pirma dėl aukštesnių pašarų sąnaudų.

Veršelių gaištamumo atveju ekonominėms vertėms įtakos turėjo skerdenų kainos. Skirtumas tarp „aukšto“ ir „žemo“ scenarijų parodė, jog pajamos iš gyvų telyčių yra nevienodos: atitinkamai LŽSG, LŽAP ir LJAP sudaro –2,76, –3,43 ir –4,67 euro. Didžiausias vėlyvojo veršelių gaištamumo išlaidas lėmė telyčių šėrimas: išlaidos siekė nuo –0,97 iki –1,32 euro.

Karvės gaištamumo atveju pajamų analizė parodė, jog neigiama ekonominė grąža už pienines, skerstinas karves ir gyvybingas telyčias buvo įvertinta kaip didžiausi prarasti pardavimai – LJAP ir LŽAP veislių. Visos pajamos buvo susumuotos kaip bendrosios, o didžiausios ir mažiausios pajamos buvo įvertintos atitinkamai LJAP ir LŽSG veislėms. Didžiausios išlaidos, susidariusios dėl padidėjusio karvių gaištamumo, teko telyčių pašarams ir kitoms karvių sąnaudoms. Sudėjus visas išlaidas, didžiausios buvo LŽSG, o mažiausios LŽAP veislių.

4. REZULTATŲ APTARIMAS

Galvijų kilmės analizė. Šiuo metu Lietuvos žalieji galvijai yra skirstomi į senojo genotipo ir atviros populiacijos Lietuvos žaluosius galvijus. 2021 metais žalųjų ir žalmargių populiacija sudarė 27 proc. visų Lietuvoje laikomų pieninių galvijų, iš kurių 84 proc. buvo Lietuvos žalieji [1]. Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai 2021 metais sudarė tik 0,04 proc. bendro visų melžiamų karvių skaičiaus. Dabartiniu metu populiacija sumažėjusi iki kritinės ribos, todėl būtina imtis papildomų priemonių šios veislės išsaugojimui [29].

Mūsų tyrimo rezultatai parodė, kad atviroje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje vyravo žalmargių holšteinų, airšyrų, anglerų, Danijos žalųjų, holšteinų, Švedijos žalmargių, švicų ir nežinomos kilmės genotipai. Tuo tarpu senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje dominavo anglerų, Danijos žalųjų, Lietuvos žalųjų, senojo genotipo Lietuvos žalųjų, švicų, žalmargių holšteinų ir nežinomos kilmės genotipai.

Žalieji galvijai kaimyninėse šalyse, tokiose kaip Latvija ir Lenkija, buvo tobulinami panašiu būdu kaip ir Lietuvos žalieji galvijai, naudojant Danijos žaluosius, anglerus, žalmargius holšteinus ir kitas veisles [114]. Latvijos žalųjų veislės išsaugojimo programa pradėta 2013 metais, turint 134 karves, o dirbtinio apvaisinimo stotyse saugoma 41 buliaus spermos atsargos [115]. Lenkijoje, pagal 2021 metų duomenis, veislių išsaugojimo programoje dalyvavo 3500 Lenkijos žalųjų galvijų, auginamų 320 bandų, kas sudaro 0,29 proc. registruotų galvijų [116].

Mūsų tyrimo duomenimis nustatyta, kad atviroje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje dominuoja karvės, turinčios žalmargių holšteinų kraujo, jos sudarė beveik 40 proc. visos populiacijos, holšteinų – 14,96 proc., o Švedijos žalmargių – 14,73 proc. kraujo turinčios karvės. 16 proc. populiacijos karvių kraujo kilmė buvo nežinoma, atspindinti genetinės įvairovės ir veislinės identifikacijos iššūkius.

Panašūs rezultatai nustatyti Cielava ir kt. tyrime [117]. Šie tyrėjai nustatė, kad Latvijos žalieji galvijai taip pat nėra grynaveisliai. Nemažą jų dalį sudaro galvijai, turintys Danijos žalųjų, žalmargių holšteinų ir Švedijos žalmargių galvijų kraujo.

Šiuo metu daugelyje vidutinio klimato regionų dominuoja holšteinų veislės karvės dėl jų didelio produktyvumo [118]. Holšteinų veislė šiandien yra daugelio selekcinų atrankų rezultatas, o pastaraisiais dešimtmečiais holšteinų veislės galvijai buvo intensyviai selekcionuojami dėl jų produktyvumo, paliekant aiškius domestikacijos pėdsakus jų genome [119]. S. Nyman su bendraautoriais [39], analizuodami Europos žaluosius galvijus, taip pat pažymi, kad vietines veisles beveik visiškai pakeičia komercinės žalųjų ir holšteino–fryzų veislės.

Lietuvos žaluųjų galvijų populiacijoje iki 2010 metų karvės su vyraujančiu žalmargių holšteinų krauju sudarė 30 proc. ir per 2011–2022 metus išaugo iki 48 proc. Lyginant abu laikotarpius, žaluųjų galvijų populiacijoje holšteinų kraujo turinčių karvių skaičius padidėjo 8 kartus. Tuo tarpu karvių, turinčių Švedijos žalmargių veislės kraujo, skaičius sumažėjo perpus, o Danijos žaluųjų veislės kraujo turinčių karvių – 95 proc. Švicų veislės karvių skaičius sumažėjo 3,6 karto, o anglerų veislės karvių sumažėjo nuo 6340 iki 50 galvijų.

Išsaugoti veisles su unikaliomis genetinėmis savybėmis yra labai svarbu. Tačiau dėl aukštų genetinių išteklių programų įgyvendinimo ir valdymo sąnaudų neįmanoma išsaugoti visos genetinės įvairovės. Pirmasis žingsnis, saugant genetinę įvairovę, yra genetinių išteklių įvertinimas ir tinkamų populiacijų atranka saugojimui, siekiant išlaikyti kuo didesnę įvairovę veislėje [39].

Mūsų duomenimis nustatyta, kad iki 2010 metų senojo genotipo Lietuvos žaluųjų galvijų kilmėje dominavo Lietuvos žaluųjų (11 ir 94) (25 proc.), anglerų (22 proc.) ir Danijos žaluųjų (20 proc.) galvijų genai, o po 2011 metų – atitinkamai 30, 25 ir 25 proc. Atkuriamojo darbo eigoje po 2011 metų Lietuvos žaluųjų (11 ir 94) galvijų kraujo dalis padidėjo 5 proc., anglerų – 3 proc., Danijos žaluųjų – 5 proc., o nežinomos kilmės sumažėjo 14 proc. Tai rodo, kad vyksta nuoseklus selekcinis darbas, skirtas išsaugoti šią veislę. Galvijai nėra gerinami su kitomis veislėmis, siekiant išlaikyti genetinę įvairovę. Toks požiūris padeda išlaikyti įvairovę veislės viduje ir jos unikalumą, užtikrinant genetinę identitetą ir tęstinumą.

Populiacijų pradininkų analizė. Galvijų kilmės analizė parodė, kad formuojant Lietuvos žaluųjų galvijų populiaciją, atskirais laikotarpiais buvo įtraukiami gyvūnai be kilmės duomenų. LŽ atviros populiacijos 1946–2004 metų laikotarpiu 6 proc. sudarė pradininkai, kurių tėvai buvo nežinomi, 4 proc. pradininkai, kurių žinomi tik motinos tėvai ir 18 proc. – pradininkai, kurių buvo žinomi tik tėvo tėvai, o 2010–2020 metų laikotarpiu atitinkamai 0,001 proc., 10 proc. ir 0,01 proc. Senojo genotipo LŽ populiacijos pradininkų analizė atskleidė, kad vėliausio veislės kūrimosi 1959–2004 metų laikotarpyje 12 proc. pradininkų buvo žinomi tik tėvo tėvai.

Bendra Europos žaluųjų (Švedijos, Danijos, Lenkijos, Norvegijos Latvijos ir Lietuvos) pradininkų analizė [39] parodė, kad nuo 1960 iki 2018 metų gimė 9036935 gyvūnai, iš kurių 1559777 gyvūnų tėvai buvo nežinomi, tai sudarė 17,26 proc. visos populiacijos. Lyginant mūsų tyrimo duomenis su Europos žalaisiais galvijais, LŽ atviroje populiacijoje 1946–2020 metais gyvūnų, kurių tėvai ar vienas iš tėvų buvo nežinomi, sudarė 15 proc., o Lietuvos juodmargių atviroje populiacijoje – 7,5 proc. Tačiau per 2016–2020 metų laikotarpį LŽ atviroje populiacijoje buvo 11,3 proc. galvijų su nežinoma tėvine puse, t. y. žinomi tik motinos tėvai, o informacijos apie tėvo tėvus nebuvo. Šis aspektas

rodo, kad būtina atkreipti dėmesį į tikslesnį kilmės duomenų informacijos surinkimą ir dokumentavimą.

Kilmės užbaigtumas. Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai iki 2007 metų buvo įrašomi į bendrą kilmės knygą su atviros populiacijos žalujų ir žalmargių galvijais. Toks įrašų suvedimas apsunkino senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų, kaip ekonomiškai mažiau naudingų galvijų, stebėseną, palyginti su tarptautinėmis ar pagerintomis veislėmis. Dėl šių priežasčių 2008 metais senojo genotipo galvijams buvo suteiktas atskiras veislės kodas (94) [28]. Per dešimties metų laikotarpį senojo genotipo galvijų, įrašytų į pagrindinį kilmės knygos skyrių ir atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų pirmoje kartoje buvo 100 proc., o senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų, įrašytų į pagrindinį ir papildomą KK skyrius, – 96,1 proc. Antros ir trečios kartos vidutinis kilmės užbaigtumas svyravo nuo 91,5 proc. iki 100 proc. Kaip ir tikėtasi, vidutinis kilmės užbaigtumas sekančiose kartose palaipsniui mažėjo. Mažiausias vidutinis kilmės užbaigtumas šeštoje kartoje buvo nustatytas senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų (69,3 proc.), pagrindiniame KK skyriuje įrašytų – didesnis (71,4 proc.), o didžiausias atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų (78,9 proc.).

Paura ir kt. [120] išanalizavo dvi vietines Latvijos veisles ir nustatė panašų Latvijos žalujų (94,23 proc.) ir Latvijos šėmų (90,7 proc.) galvijų kilmės užbaigtumą. Kaip nurodė autoriai, tokiems rodikliams įtakos turėjo ilga Latvijos žalujų galvijų registravimo istorija ir palyginti trumpas Latvijos šėmų, kaip veislės, registracijos laikotarpis.

Mažesnis kilmės užbaigtumo lygis buvo gautas tyrime [121], kuriame buvo vertintos nykstančios ispanų galvijų veislės: ‘Berrenda en Negro’ (82,76 proc.) ir ‘Berrenda en Colorado’ (79,57 proc.). Addo ir kt., [122] duomenimis, anglerų, kaip vienos iš vietinių Vokietijos galvijų veislių, kilmės užbaigtumas sudarė net 90 proc. ir buvo žymiai didesnis, negu žalujų ir žalmargių galvijų pirmojoje tėvų kartoje.

Žinios apie kilmės užbaigtumą yra labai svarbios, nes veislės įvaisos laipsnis priklauso nuo tos veislės kilmės išsamumo, o didelė dalis trūkstančių kilmės duomenų gali sukelti rimtą įvaisos laipsnio padidėjimą ir lemti su tuo susijusius nuostolius [123]. Šio tyrimo rezultatai parodė, kad vidutinis atviros populiacijos Lietuvos žalujų galvijų kilmės užbaigtumas per šešias kartas buvo didesnis (90 proc.) nei Ispanijos galvijų, bet mažesnis nei Latvijos žalujų galvijų [120, 121].

Populiacijų struktūros pokyčiai. Šiuolaikinių atvirų populiacijų duomenys skiriasi dėl intensyvaus veisimo. Mūsų tyrimas parodė, kad 2021 metais populiacijų, kurioms taikomos skirtingos veisimo programos didžiausias populiacijos viduje naudojamų bulių amžius (27,8 metai) buvo nustatytas senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių

(LŽSG_PKK), kuris buvo net du kartus didesnis nei senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų, pagrindame ir papildomame KK skyriuje įrašytų, populiacijos (LŽSG_PKKirP). Senojo genotipo Lietuvos juodmargių, įrašytų į pagrindinį KK skyrių (LJSG_PKK) vidutinis bulių amžius buvo nustatytas 8,5 metai, o atvirų populiacijų LŽ ir LJ amžius buvo atitinkamai 5,5 ir 5,2 metai. Didelį vidutinį senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų bulių amžių galima paaiškinti tuo, kad dirbtinio apvaisinimo praktika leidžia naudoti spermą daugelį metų po jos surinkimo [124]. Dirbtinis apvaisinimas galvijams pirmą kartą buvo sėkmingai pritaikytas XX amžiaus pradžioje. Šios technologijos naudojimas galvijininkystėje [125] leido ilgalaikiai naudoti bulių spermą, taip padidinant jų vidutinį reprodukcinį amžių. Tačiau ir įdiegus karvių sėklinimą šaldyta bulių sperma, natūralus kergimo būdas vis tiek buvo naudojamas [126]. Panašūs rezultatai buvo gauti ir analizuojant Latvijos žaluosius galvijus [120], kur vidutinis Latvijos žalujų bulių amžius svyravo nuo 13,3 iki 24,6 metų. Didelį bulių amžių, kaip ir mūsų tyrime, lėmė tai, kad buvo naudojama sperma iš genų banko.

Daugumoje išsivysčiusių pieno pramonės šalių vidutinių karvių produktyvi gyvenimo trukmė yra nuo 2,5 iki 4 metų [127]. Mūsų tyrime analizuojant skirtingais metais gauto prieauglio skaičių ir jų motinų amžių nustatyta, kad 2005–2021 metais motinų amžius sutrumpėjo: LŽAP – 35 proc., LŽSG_PKKirP – 26 proc., o LŽSG_PKK – 20 proc. Nepaisant to, 2021 metais LŽSG_PKK karvių vidutinis reprodukcinis amžius vis tiek išliko ilgiausias (3,7 metai), kuris buvo 0,4 metų ilgesnis už LŽAP ir LŽSG_PKKirP. Vyresnį karvių amžių senojo genotipo populiacijose galima paaiškinti tuo, kad šios karvės pasižymi ilgaamžiškumu. Kaip teigia Adamczyk ir kt. [128], mažesnio produktyvumo karvės (įskaitant vietines veisles), paprastai pasižymi didesniu ilgaamžiškumu. Apie tai, kad vietinės karvės yra ilgaamžiškesnės, nustatyta kitame tyrime [129], kuriame nurodoma, kad žymiai mažesnis vietinių veislių produktyvumas iš dalies kompensuojamas (nors ne visuomet nuosekliai) tokiu privalumu, kaip ilgaamžiškumas. Bieber ir kt., [129], pažymi, kad vietinių veislių atsparumas gali prisidėti prie ekologiškų pieno gamybos sistemų tvarumo gerinimo. Jonkus ir kt. [114] pažymi, kad atsižvelgiant į laikymo tikslus, mažas pieno produktyvumas nėra pagrindinė vietinių karvių skerdimo priežastis, o pagrindinis tikslas yra užauginti kuo daugiau ne su įvaisa veršelių, siekiant išsaugoti genetinę įvairovę.

Analizuojant kartų intervalus nustatyta, kad LŽAP patelių kartų intervalas buvo vidutiniškai 4 metai. Tuo tarpu senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų, kuriems taikomas veislės atkūrimas, nustatytas intervalas buvo didesnis nei 5 metai. 2015 metais didžiausias bulių intervalas tarp kartų – 15,5 metų – buvo užfiksuotas LŽSG_PKKirP populiacijoje, o mažiausias – 5,5 metų – LJSG_PKKirP. Tam įtakos turėjo reprodукториų amžius, kuris mūsų atliktame

tyrime buvo nustatytas atitinkamai didžiausias grynaveislių LŽ bulių, mažiausias – senojo genotipo Lietuvos juodmargių bulių.

Lyginant su kitų mokslininkų atliktu tyrimu [126], kuriame buvo analizuojamos vietinės baltnugarės karvės, ir kuriame nustatytas 8,4 metų bulių kartų intervalas, o karvių – 5,3 metai. Nuo 2010 metų vidutinis Latvijos žалуjų veislės patinų kartų intervalas svyravo nuo 14,0 iki 20,8 metų [120]. Mūsų atveju pasikartojė tendencija, rodanti, kad bulių ir karvių amžiui įtakos turi kartų intervalas. Sørensen ir kt. [68] nustatė, kad Danijos žalujų galvijų kartų intervalas buvo 5,0 metai (1997–1998 metais) ir 4,8 metai (2001–2003 metais), Danijos holšteinų – 5,0 metai (1983–1992 m.) ir 4,6 metai (1993–2003 metais). Didesnis kartos intervalas (6,66 metai) buvo apskaičiuotas 2004 metais Airijos holšteino fryzų [123].

Nustatyta, kad LŽSG_PKK karvių vidutinis amžius yra 4,5 metai, o LJSG_PKK – 4,9 metus. Jauniausios karvės ir telyčios buvo nustatytos atvirose populiacijose: LŽAP – 3,3 metų, LJAP – 3,2 metų. Lietuvos vietinių baltnugarių vidutinis motininio sąstato amžius buvo nustatytas 4,8 metai [126].

Karvių pasiskirstymas pagal amžių Lietuvos žalujų atviroje populiacijoje atskleidė, kad jaunos, dviejų metų karvės sudaro didžiausią dalį (25,20 proc.). Tai leidžia daryti prielaidą, kad atvira populiacija yra jauna ir ją galima produktyviai panaudoti, nes kuo daugiau jaunų gyvulių, tuo didesnė tikimybė gauti daugiau palikuonių [126]. Palyginti su LŽ atvira populiacija, senojo genotipo Lietuvos žalujų populiacija (LŽSG_PKKirP) yra vyresnė. Joje dominuoja trejų metų karvės, sudarančios 26,67 proc., ir keturių metų karvės, sudarančios 20,00 proc. Tuo tarpu LŽSG_PKK grupėje didžiausią dalį, 33,33 proc., taip pat sudaro trejų metų karvės.

Bieber ir kt. [129], atlikę tyrimą, kuriame lygino vietines ir komercines pieninių galvijų veisles, nustatė, kad karvių gyvenimo trukmė (pagal laktacijų skaičių) skiriasi tarp veislių: Lenkijos žalujų ir žalmargių gyvenimo trukmė siekia 4,99 metų, Lenkijos žalujų – 4,62 metų, Lenkijos holšteinų – 4,09 metų, Švedijos žalujų – 3,07 metų, o Švedijos holšteinų – 2,87 metų.

Įvaisos ir pridėtinio genetinio ryšio koeficientai. Mūsų tyrimas parodė, kad 2021 metais LŽSG_PKK populiacijoje, turinčioje mažą individų skaičių, vidutinis įvaisos koeficientas, apskaičiuotas pagal gyvūnų su įvaisa skaičių, buvo itin aukštas – 9,24 proc. Taip pat buvo nustatyta didžiausia per metus užfiksuota genetinio ryšio pokyčio reikšmė šiai populiacijai, siekianti 0,00040. Jeigu genetinio ryšio reikšmė didėja, tai reiškia, kad populiacijoje mažėja genetinė įvairovė. Tai rodo, kad veisimas mažose ir uždaroje populiacijose kelia daug iššūkių. Taip pat didelis vidutinis įvaisos koeficientas pagal gyvūnus su įvaisa, siekiantis 5,35 proc., buvo nustatytas LJSG_PKK populiacijoje. Pieninių galvijų populiacijose įvaisa yra gana įprastas reiškinys, ypač naudojant modernias selekcijos praktikas, pvz., dirbtinį apvaisinimą, kur naudojama ne-

daug bulių (kaip mūsų tyrimo atveju – LŽ senojo genotipo), intensyviai dalyvaujančių veisimo programose, kas didina įvaisos lygį ir mažina efektyvių populiacijų dydžius [39].

Geresnė padėtis yra didelėse atvirose populiacijose, tačiau net ir ten, galima teigti, veisimo programose yra skirtumų. Įvaisos koeficientas atviroje Lietuvos žaliųjų galvijų populiacijoje nustatytas 2,71 proc., genetinio ryšio pokyčio reikšmė šiai populiacijai, siekianti 0,00006, LJ atviroje populiacijoje – 3,72 proc. Addo ir kt. [122], tyrę vokiečių veislių individų su įvaisa įvaisos koeficientus, nustatė: Vokietijos anglerų – 2,19 proc., o žaliųjų ir žalmargių galvijų populiacijose – 1,94 proc. Mūsų tyrimas parodė, kad gyvūnų, gautų giminingo veisimo būdu, skaičius buvo mažesnis saugomose populiacijose. LŽSG_PKK grupėje 40 proc. individų buvo gauti giminingo veisimo būdu, LJSJG_PKK – 75 proc., o atvirose abiejose populiacijose – daugiau nei 98 proc. gyvūnų. Tikėtina priežastis yra tai, kad didelėse populiacijose įvaisa nekontroliuojamai didėja dėl prioriteto didinti produktyvumą ir naudoti geriausius bulius. Poreikis valdyti įvaisos laipsnį uždaroje gyvūnų populiacijose, pvz., naminių gyvūnų, nelaisvėje laikomų laukinių gyvūnų ar ūkiuose auginamų gyvūnų, vis labiau akcentuojamas tarptautinėje politikoje, dedant individualias nacionalines pastangas ir vadovaujant reguliavimo institucijoms, tokioms kaip Jungtinių Tautų ūkinių gyvūnų organizacija [122].

Efektyvumo rodiklis *Ne*. Dabartinė Jungtinių Tautų ūkinių gyvūnų organizacijos (FAO) rekomendacija yra išlaikyti veisles, kurių didžiausias įvaisos laipsnis yra 1 proc. vienai kartai. Norint tai pasiekti, būtina išlaikyti ne mažiau kaip 50 efektyvumo rodiklį (*Ne*) [130].

2021 metais senojo genotipo Lietuvos žaliųjų galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių, populiacijoje *Ne* rodiklis, skaičiuojamas pagal tėvų skaičių, buvo kritiškai žemas (42). Lyginant su senojo genotipo populiacija, įrašyta pagrindiniame ir papildomame KK skyriuose, *Ne* buvo 2,5 kartus mažesnis. Dėl to populiacija pripažįstama kritine ir veislė yra ties išnykimo, o tai susiję su genetinės įvairovės sumažėjimu. Todėl siekiant išsaugoti veislę, būtina didinti efektyvųjų populiacijos dydį. Atviros populiacijos Lietuvos žaliųjų galvijų efektyvumo dydis (*Ne*), skaičiuojamas pagal tėvų skaičių, siekė 3855.

Atviros populiacijos žaliųjų galvijų *Ne* (pagal įvaisą) buvo 1,5 karto mažesnis nei senojo genotipo, kurio rodiklis buvo 103. Lyginant LŽSG_PKKirP su LŽSG_PKK paaiškėjo, kad pastarųjų *Ne* rodiklis, siekiantis 59, buvo beveik 1,7 karto mažesnis nei LŽSG_PKKirP.

Efektyvus populiacijos dydis (\bar{N}_e), nustatytas skirtingoms populiacijoms Sørensen ir kt. [68] tyrime, holšteinų, džersių ir Danijos žaliųjų galvijų atveju atitinkamai buvo 49, 53 ir 47. Naujesni tyrimai, atlikti Pauros ir kt. [120] rodo, kad 2015–2019 metais faktinis Latvijos žaliųjų veislės populiacijos dydis siekė 112 (*Ne* pagal įvaisą) ir 186 (*Ne* pagal tėvus). Nymann ir kt. [39]

atliktame tyrime, kuriame buvo analizuoti Europos žalieji galvijai, nustatytas efektyvus populiacijos dydis (pagal įvaisos laipsnį), gimusių nuo 1960 iki 2018 metų. Žalųjų pieninių galvijų, tame tarpe ir Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos ir tradicinių anglerų, efektyvūs populiacijos dydžiai buvo atitinkamai nustatyti kaip 226 ir 64. Addo ir kt. [122] tyrime nustatė efektyvų populiacijos dydį pagal įvaisos laipsnį: anglerų veislei buvo nustatyta 156, o žalųjų ir žalmargių veislei – 170.

Pieno produktyvumo rodikliai. Kaip parodė mūsų analizė, žalųjų ir žalmargių karvių, įrašytų į pagrindinį kilmės knygos skyrių, vidutinis pieno produktyvumas buvo 7751 kg 4,36 proc. riebumo ir 3,36 proc. baltymingumo pieno. Į papildomą KK skyrių įrašytų karvių produktyvumas buvo 229 kg didesnis nei pagrindiniame skyriuje įrašytų karvių. Šie produktyvumo rodikliai buvo artimi Vokietijos vietinėms veislėms, kurios dažniausiai randamos šiaurinėje šalies dalyje, produktyvumui per laktaciją: anglerų – 7500 kg 3,5 proc. baltymų ir 5 proc. riebalų bei žalųjų žalmargių – 7000 kg, 3,5 proc. baltymų ir 4 proc. riebalų [122].

Yra žinoma, kad vietinių veislių karvės yra mažiau produktyvesnės nei specializuotos veislės [131], nes jos dažnai yra auginamos tradicinėse ūkininkavimo sistemose, kur šeriamos tik ganyklų ištekliais be papildomo koncentrato [132].

Mūsų tyrimu nustatyta, kad senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų, įrašytų į pagrindinį KK skyrių, kur registruojami tik grynaveisliai gyvūnai, produktyvumas yra 2311 kg mažesnis nei atviros populiacijos [1]. Lyginant senojo genotipo Lietuvos žaluosius ir Lenkijos žaluosius, pastarųjų produktyvumas buvo mažesnis, siekiantis 3786 kg (4,26 proc. riebalų ir 3,39 proc. baltymų) [116].

Mūsų atlikto tyrimo, kurio metu analizavome atvirą Lietuvos žalųjų galvijų populiaciją, duomenys parodė, kad karvių, gimusių iki 2010 metų, palyginus su karvėmis, gimusiomis po 2011 metų, produktyvumas didėjo. Nuo 2011 metų HOL veislės karvės abiejuose genotipuose pasižymėjo didžiausiu produktyvumu. Remiantis Airijos mokslininkų atliktu tyrimu, holšteinų veislės karvės taip pat pasižymėjo didesniu produktyvumu, lyginant su kitomis veislėmis [133].

Tačiau HOL, ŠŽ, ŠV ir NEŽ veislių karvių kraujo laipsniui viršijant 50 proc., nebuvo pastebėtas produktyvumo padidėjimas, jų produktyvumas buvo net mažesnis, lyginant to paties laikotarpio karvėmis, turinčiomis iki 50 proc. šių veislių kraujo ($p < 0,001$). Tai rodo, kad didesnis kraujo laipsnio procentas gali turėti įtakos pieno produktyvumui. Tačiau skirtingai nuo kitų veislių, ŽH ir AI kraujo laipsnio didėjimas padidino ir pieno kiekį.

Analizuojant šiuo metu veisiamos Lietuvos žalųjų galvijų populiacijos karvių produktyvumo duomenis nustatyta, kad su 25–50 proc. genotipu di-

džiausią pieno kiekį per laktaciją davė HOL veislės karvės. Palyginti su ŽH veisle, iš HOL karvių buvo primelžta 11 proc. daugiau pieno ($p < 0,001$). Tačiau analizuojant pieno kiekio pokytį, nustatyta ta pati tendencija, kaip ir višos populiacijos, kad didėjant veislės kraujo daliai, HOL veislės karvių pieno kiekis sumažėjo 187,08 kg ($p < 0,05$), tuo tarpu ŽH veislės karvių - padidėjo 383,27 kg ($p < 0,001$). Nepaisant to, iš HOL veislės karvių vis dar buvo primelžta 4,46 proc. daugiau pieno nei iš ŽH veislės karvių ($p < 0,001$).

Ta pati tendencija pastebėta ir analizuojant pieno baltymų bei riebalų kiekius. Didėjant HOL kraujo daliai, baltymų kiekis sumažėja 2,7 proc., ($p < 0,05$), o riebalų – 3,6 proc. ($p < 0,001$). Tuo tarpu ŽH veislės karvių baltymų kiekis padidėjo 4,9 proc., o riebalų – 5,9 proc. ($p < 0,001$).

Panašius rezultatus gavo ir Anskienė [77], tirdama holšteinų įtaką juodmargių karvių produktyvumui. Ji nustatė, kad holšteinizacijos laipsniui padidėjus iki 87,5 proc. ir daugiau, pastebimas karvių produktyvumo mažėjimas lyginant su žemesne holšteinizacijos laipsnio klase. Latvijos mokslininkų atliktas tyrimas apie kraujo laipsnio įtaką Latvijos žaluųjų karvių produktyvumui, parodė, kad didžiausiu produktyvumu pasižymėjo karvės su žalmargių holšteinų krauju, mažiausiu – su Švedijos žalmargių krauju [117].

1998 metais atliktame tyrime, kurį atliko Strazdas ir kt. [134], skirtingų genotipų ir linijų Lietuvos žaluųjų karvių produktyvumo rodiklių palyginimas parodė, kad didžiausią pieno kiekį per laktaciją – 3947,7 kg – davė holšteinų žalmargių genotipo pirmaveršės karvės, o mažiausią – 3530,6 kg – Danijos žaluųjų veislės karvės. Be to, didžiausias pieno riebalų kiekis, siekiantis 163,8 kg, buvo gautas iš holšteinų žalmargių karvių, o didžiausias baltymų kiekis – 116,6 kg – iš Danijos žaluųjų genotipo karvių. Petraškienės ir kt. [135] atlikta Lietuvos veisiamų pieninių galvijų vidutinio produktyvumo analizė taip pat parodė panašius rezultatus. Jie nustatė, kad aukščiausiu produktyvumu, taip pat riebalų ir baltymų kiekiu piene pasižymėjo HOL veislės karvės, o mažiausiu – Danijos žalieji galvijai.

Strazdo ir Masiulienės [136] tyrimas nustatė, kad didžiausią pieno kiekį per laktaciją (5296,7 kg) davė holšteinų fryzų genotipo karvės. Anglerų genotipo karvės davė 4658,7 kg pieno, 197,8 kg riebalų ir 163,4 kg baltymų, o Danijos žaluųjų genotipo karvės – 4617 kg pieno, 188,2 kg riebalų ir 157,2 kg baltymų. Petrakova ir kt. [2], analizuodami Lietuvos žaluosius galvijus nustatė, kad kilmės žinomumas statistiškai patikimai veikia karvių produktyvumą. Tai rodo, kad kilmės žinomumo laipsnis yra svarbus veiksnys, veikiantis pieno gamybos rodiklius. Karvės, turinčios 75–100 proc. žinomą kilmę, pasiekė aukštesnį produktyvumą (5094,9 kg pieno, 225,6 kg riebalų, 162,5 kg baltymų), o visiškai žinomos kilmės karvių (100 proc. žinomumo) rodikliai buvo dar didesni (5276,4 kg pieno, 234,7 kg riebalų, 179,4 kg baltymų). Strazdas ir kt. [134] 1998 metais nustatė, kad skirtingų genotipų Lietuvos žalosios

pirmaveršės karvės buvo nevienodai produktyvios. Produktyviausios buvo holšteinų žalmargių genotipo karvės, o mažiausiai pieno primelžta iš Danijos žalųjų genotipo pirmaveršių. Daugiausia pieno riebalų ir pieno baltymų gauta iš holšteinų žalmargių genotipo pirmaveršių pieno.

2007 metų duomenimis, Skaistgirio ž. ū. bendrovės saugomos senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų bandos vidutinis produktyvumas buvo 5500 kg, pieno riebumas 3,65 proc., o baltymingumas – 3,5 proc. [19].

Mūsų tyrime, analizuojant senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų produktyvumą pagal genotipą, nustatyta, kad genotipo ≥ 50 proc. AN, DŽ ir LŽ karvės per laktaciją davė tokį patį pieno kiekį (4571,91 kg), turintį 197,46 kg riebalų ir 166,72 kg baltymų. Tuo tarpu LŽSG karvės per laktaciją davė mažiausiai pieno – 4258,57 kg su 183,26 kg riebalų ir 184,66 kg baltymų.

Eksterjero analizė parodė, kad genetiniai ir laiko veiksniai turėjo įtakos analizuojamiems eksterjero požymiams. Čiurlys ir kiti mokslininkai [137] 1998 metais analizuodami Lietuvos juodmargių ir žalųjų galvijų selekciją nustatė, kad tiek bandos veislingumas, tiek bulius turi patikimą įtaką karvių eksterjerui. Analizuojant buliaus įtaką dukterų eksterjerui skirtingo veislingumo bandose, buvo pastebėta, kad mažiau holšteinizuotose bandose buliaus poveikis dukterų eksterjerui yra didesnis.

Aukštis. Mūsų tyrimai parodė, kad analizuojant Lietuvos žalųjų galvijų atvirą populiaciją, aukščiausios 25–50 proc. genotipo grupėje buvo HOL karvės (139,62 cm \pm 0,37), gimusios iki 2010 metų. Vėlesniu laikotarpiu jų ūgis dar padidėjo 1,12 cm. Žemiausios buvo AN karvės (135,32 \pm 0,23) ($p < 0,001$). Didėjant dominuojančios veislės kraujo laipsniui (≥ 50 proc.), ŽH karvių aukštis padidėjo 1,19 cm, o ŠŽ karvių – sumažėjo 1,21 cm ($p < 0,001$).

Šiuo metu veisiamoje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje, nepriklausomai nuo genotipo, aukščiausios buvo HOL karvės, kurių aukštis siekė 145,96 cm ir 146,52 cm. ($p < 0,001$). Didėjant ŽH kraujo daliai, karvių aukštis padidėjo nuo 142,53 cm iki 143,50 cm ($p < 0,001$), tačiau išliko 3,02 cm žemesnės ($p < 0,001$) nei HOL karvės.

Lietuvos žalųjų galvijų gerinimo programoje 2019–2023 metams vienas iš uždavinių buvo pasiekti, kad suaugusių karvių aukštis ties kryžiumi būtų 145 cm [30]. Mūsų tyrimas parodė, kad HOL karvių grupėje šis tikslas buvo pasiektas, ŽH karvių aukštis taip pat padidėjo.

Nustatėme, kad senojo genotipo LŽ 25–50 proc. genotipo grupėje karvių aukštis svyravo nuo 130,22 iki 131,00 cm. Didėjant analizuojamų veislių kraujo laipsniui, karvių aukštis didėjo, ir svyravo nuo 134,62 iki 135,67 cm. Kuosa ir kt. [138] nustatė, kad Danijos žalųjų karvių vidutinis aukštis ties ketera buvo 132,1 cm. Darbuto [36] tyrime buvo nustatyta, kad Lietuvos žalųjų karvių aukštis ties ketera buvo 124,5 cm, o anglerų veislės karvės buvo 1,1 proc. aukštesnės – 125,9 cm. Lyginant šiuos duomenis galima teigti,

kad senojo genotipo Lietuvos žalosios karvės, ypač tos, kurios turi didesni (≥ 50 proc.) vyraujančių veislių kraujo laipsnį, pagal aukštį yra artimos 1968 metais tirtoms Danijos žalosioms karvėms [138].

A. J. Strazdas [139] 1966 metais savo disertacijoje „Lietuvos žaluųjų galvijų tobulinimas, panaudojant Danijos žaluosius“ nurodė, kad Danijos žaluųjų veislės galvijų, įrašytų į kilmės knygą, vidutinis aukštis ties ketera buvo 132,1 cm. Lietuvos žaluųjų veislės grynaveislių karvių aukštis ties ketera po pirmo apsiveršavimo buvo 126,6 cm, po antro – 126,9 cm, ir po trečio – 127,4 cm. Užsienio mokslininkų duomenimis, Lenkijos holšteinų fryzų karvių vidutinis aukštis ties kryžiumi buvo 142,46 cm [140].

Kūno gylis. Anaizuojant Lietuvos žaluųjų galvijų atvirą populiaciją, ŽH karvių, gimusių po 2011 metų, kūno gylis buvo įvertintas žemesniu vidutiniu balu nei gimusių ankstesniais metais, nepriklausomai nuo vyraujančio kraujo laipsnio. Karvių, turinčių daugiau nei 50 proc. HOL kraujo laipsnį ir gimusių po 2011 metų, vidutinis vertinimo balas padidėjo, o tai rodo, jog šios grupės karvės buvo įvertintos 0,23 punkto aukščiau nei ankstesnių metų gimimo karvės ($p < 0,01$).

Šiuo metu veisiamoje Lietuvos žaluųjų galvijų populiacijoje HOL karvės taip pat pasižymėjo didesniu kūno gyliu, palyginti su kitomis karvių veislėmis. HOL karvių kūno gylio vidutinis balas buvo aukščiausias, nepriklausomai nuo genotipo, atitinkamai $6,30 \pm 0,04$ ir $6,42 \pm 0,04$ ($p < 0,001$). Kūno gylio įvertinimas parodė, kad 25–50 proc. genotipo grupėje optimaliu balu buvo įvertinta 17,96 proc. analizuojamų karvių, iš kurių didžiausią dalį (44,93 proc.) sudarė HOL karvės. Genotipo ≥ 50 proc. grupėje – 18,28 proc. karvių, iš kurių daugumą (64 proc.) sudarė ŽH karvės.

Kitų autorių atlikti tyrimai parodė, kad Lenkijos holšteinų fryzų veislės karvių kūno gylio balas buvo – 5,54 [140]. 1996 metais atliktas Lietuvos žaluųjų veislės karvių eksterjero linijinis vertinimas parodė, kad pirmaveršių karvių kūno gylio įvertinimas buvo 4,47 balo, o suaugusių karvių – 5,62 balo, kai optimalus įvertinimas buvo 7 balai [141].

Lietuvos mokslininkai [37] nustatė, kad karvių ūkinio naudojimo trukmė teigiamai koreliavo su karvių ūgiu, stambumu ir pieniniu tipu, bet neigiamai – su užpakalio kampu.

Užpakalio kampas. Mūsų tyrimas parodė, kad Lietuvos žaluųjų galvijų atviroje populiacijoje anksčiau gimusių ŽH karvių 25–50 proc. genotipo grupėje užpakalio kampo vertinimo balas buvo 4,84 ($\pm 0,02$), o ≥ 50 proc. genotipo grupėje – 4,66 ($\pm 0,02$). Tuo tarpu vėliau gimusių karvių atitinkami balai buvo aukštesni: 5,16 ($\pm 0,02$) 25–50 proc. genotipo grupėje ir 5,13 ($\pm 0,1$) ≥ 50 proc. genotipo grupėje.

Tyrimas parodė, kad šiuo metu veisiamoje Lietuvos žaluųjų galvijų populiacijoje artimiausios optimaliam užpakalio kampo vertinimo balui yra

ŽH veislės karvės: 25–50 proc. genotipo grupėje vidutinis balas buvo 5,11 ($\pm 0,04$), o ≥ 50 proc. genotipo grupėje – 5,12 ($\pm 0,02$). Nustatėme, kad pagal užpakalio kampo įvertinimą balais, didžiausia, 50,64 proc. karvių dalis, buvo įvertinta optimaliai – 5 balais. Didžiausią jų dalį sudarė ŽH (30,96 proc.), AI (24,75 proc.) ir HOL (22,88 proc.) karvės. Genotipo ≥ 50 proc. grupėje taip pat dauguma, 51,45 proc. karvių, gavo 5 balus, iš jų 76,84 proc. buvo ŽH karvės.

1996 metais atliktas žalųjų karvių užpakalio kampo vertinimas parodė, kad pirmaveršių karvių įvertinimas buvo 4,30 balo, o suaugusių karvių – 5,25 balo, kai optimalus įvertinimas buvo 5 balai [141].

Marinow [142] nustatė genetinių ryšių tarp galūnių požymių ir gyvūno judėjimo problemų. Kiti užsienio mokslininkai [143, 144] nustatė, kad holšteinų veislės bulių, kurie perduoda tiesesnes kojas, dukterys rečiau serga kojų ir pėdų ligomis.

Užpakalinių kojų forma. Mūsų tyrimai parodė, kad Lietuvos žalųjų galvijų atviros populiacijos karvių, gimusių po 2011 metų, užpakalinių kojų formos balai padidėjo ($p < 0,001$). Abiejuose genotipuose aukščiausiu balu – $6,09 \pm 0,02$ ir $6,04 \pm 0,01$ buvo įvertintos ŽH karvės ($p < 0,01$).

Mūsų tyrimas parodė, kad šiuo metu veisiamoje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje 25–50 proc. genotipo grupėje mažiau nei 1 proc. karvių įvertintos optimaliai – 9 balais, o ≥ 50 proc. genotipo grupėje 9 balais įvertinta tik 1,15 proc. karvių. Be to, 23,75 proc. karvių 25–50 proc. genotipo grupėje buvo įvertintos 5 balais, o ≥ 50 proc. genotipo grupėje – 27,01 proc. karvių įvertintos 7 balais.

Tuo tarpu Anskienė [77], analizuodama Lietuvos juodmargių karvių užpakalinių kojų formos įvertinimą balais, taip pat nustatė, kad labai mažas karvių procentas buvo įvertintas optimaliais balais – tik 0,24 proc. visų tirtų karvių. Daugiausia karvių (43,52 proc.) buvo įvertinta 4 balais, jų holšteinizacijos laipsnis buvo $62,7 \pm 0,13$ proc.

1996 metais atliktas žalųjų karvių kojų formos vertinimas parodė, kad pirmaveršių karvių įvertinimas buvo 5,17 balo, o suaugusių karvių – 4,87 balo, kai optimalus įvertinimas buvo 8 balai [141].

Užpakalinių kojų kampas. Analizuojant Lietuvos žalųjų galvijų atvirą populiaciją ir tiriant kaip pasikeitė iki 2010 metų ir po 2011 metų gimusių karvių užpakalinių kojų kampas, nustatyta, kad abiejų genotipų ŽH karvių rodiklis sumažėjo nuo $5,05 \pm 0,03$ iki $4,9 \pm 0,02$ ($p < 0,001$).

Tačiau šiuo metu veisiamoje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijos užpakalinių kojų kampo balų analizė parodė, kad ŽH veislės karvės, turinčios ≥ 50 proc. genotipą, buvo įvertintos optimaliais 5 balais. Nustatėme, kad genotipo 25–50 proc. grupėje didžiausia, 23,75 proc. karvių dalis, buvo įvertinta optimaliais balais. Didžiausią dalį šioje grupėje sudarė HOL

(31,36 proc.), ŽH (26,31 proc.) ir AI (23 proc.) karvės. Genotipo ≥ 50 proc. grupėje didžiausia, 27,1 proc. karvių dalis, buvo įvertinta 7 balais, didžiausią jos dalį sudarė ŽH veislės karvės. Optimaliais 5 balais buvo įvertinta 21,56 proc. karvių, iš kurių didžiausią dalį (67,31 proc.) sudarė ŽH karvės.

Kulno sąnarys. Didesnės karvės linkusios turėti daugiau kulno sąnario pažeidimų [145]. Mūsų tyrimas patvirtino šį pastebėjimą atviroje Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje: HOL karvės, tiek gimusios po 2011 metų abiejuose genotipuose, tiek dabartinės gyvos populiacijos, buvo aukščiausios, tačiau jų kulno sąnario vidutinis balas buvo žemiausias. Šiaurės Vokietijoje 2015 metais pieninių karvių bandose nustatytas vidutinis kulno sąnario pažeidimų paplitimas siekė 21,8 proc. [146].

Mes nustatėme, kad ŽH 25–50 proc. genotipo karvių, gimusių iki 2010 metų ir po 2011 metų, kulno sąnario balai sumažėjo nuo $5,82 \pm 0,03$ iki $5,30 \pm 0,02$ ($p < 0,001$). Dar didesnis balų sumažėjimas nustatytas ŽH ≥ 50 proc. genotipo karvėms, kurių balai pasikeitė nuo $5,83 \pm 0,03$ iki $5,16 \pm 0,01$ ($p < 0,001$). HOL karvėms buvo nustatytas balų sumažėjimas 0,807 ir 0,681 punkto, atitinkamai abiejuose genotipuose ($p < 0,001$). Tai rodo, kad aukštesnė ŽH ir HOL kraujo laipsnio dalis galėjo dar labiau įtakoti žemesnius kulno sąnario vertinimo balus.

Šiuo metu veisiamos Lietuvos žalųjų galvijų populiacijos kulno sąnario vertinimo analizė atskleidė, kad aukščiausiais balais ($5,54 \pm 0,07$ ir $5,64 \pm 0,12$) buvo įvertintos karvės, turinčios ŠŽ kraujo, nepriklausomai nuo vyraujančio kraujo laipsnio. Nustatėme, kad 25–50 proc. genotipo karvės daugiausia buvo įvertintos 5 balais. Optimalus kulno sąnario balas yra 8, tačiau karvės, įvertintos 8 balais, sudarė tik beveik 2 proc., kurių didžiąją dalį sudarė HOL karvės. ≥ 50 proc. genotipo karvių grupėje daugiausia karvių taip pat gavo 5 balus, iš kurių didžiausią dalį (73,18 proc.) sudarė ŽH veislės karvės. Optimalų 8 balų įvertinimą gavo tik 2 proc. karvių.

Anskienė [77], analizuodama Lietuvos juodmarges karves pagal kulno sąnari, nustatė, kad žymiai didesnė karvių dalis buvo įvertinta optimaliais balais, palyginti su mūsų tyrimo rezultatais. Pagal jos tyrimą, optimaliai įvertintų karvių vidutinis holšteino veislės kraujo laipsnis buvo $65,0 \pm 0,20$ proc., ir jos sudarė 19,18 proc. visų tirtų karvių. Tuo tarpu mūsų tyrime nustatyta, kad optimaliai įvertintos karvės sudarė tik 2 proc. abiejuose genotipuose.

Tešmens požymiai per analizuojamus metus keitėsi, kadangi pieninėje galvijininkystėje atsirado šiuolaikinės melžimo įrangos. Mechanizuotam melžimui netinka per stori, per ilgi, per trumpi ar per ploni speniai [147]. Optimalus priekinių spenių ilgis yra 6–8 cm. [148]. Bardakcioglu ir kt. [149] pažymėjo, kad optimalus telyčių spenių ilgis yra 5,0–5,5 cm, o karvių – 5,5–6,0 cm. Telyčių spenių storis turėtų būti 2,4–2,5 cm, o karvių – 2,7–2,8 cm. Tešmens ir spenių požymiai yra svarbūs bruožai, susiję su padidėjusiais

mastito atvejais pieninėje galvijininkystėje [150]. Kaip teigia Sharma ir kt., [151] spenių ilgis ir storis gali lemti mastito atsiradimą. Rebeka Sinha ir kt. [152] taip pat nustatė reikšmingą tešmens ir spenių bruožų ryšį su mastito atsiradimo atvejais.

Lavrinovič ir kt. [37] atliko karvių ūkinio naudojimo trukmės ir eksterjero požymių fenotipinių koreliacijų tyrimą ir nustatė, kad tešmens užpakalinės dalies aukščio koreliacija su karvių ūkinio naudojimo trukme žalosioms bei žalmargėms karvėms yra teigiama. Nustatyta žalujų ir žalmargių karvių ūkinio naudojimo trukmės ir spenių ilgio teigiama koreliacija, kaip ir teigiama koreliacija su spenių storium.

Spenių ilgis. Mūsų tyrimas parodė, kad Lietuvos žalujų galvijų atviroje populiacijoje HOL 25–50 proc. genotipo karvės, gimusios iki 2010 metų, turėjo ilgiausius spenius, kurių vidutinis vertinimo balas buvo didžiausias – 5,15 ($\pm 0,1$). Genotipo ≥ 50 proc. grupėje ilgiausius spenius, įvertintus aukščiausiu vidutiniu balu 5,31 ($\pm 0,008$), turėjo DŽ veislės karvės. HOL karvių, gimusių po 2011 metų, spenių ilgis sutrumpėjo, o vidutinis vertinimo balas sumažėjo, tačiau jis išliko didžiausias – 4,54 ($\pm 0,03$) 25–50 proc. genotipo grupėje. Tuo tarpu ≥ 50 proc. genotipo grupėje didžiausiu vidutiniu vertinimo balu – 4,55 ($\pm 0,03$) – buvo įvertintos nežinomos kilmės karvės.

Šiuo metu veisiamos Lietuvos žalujų galvijų populiacijoje HOL karvės, priklausančios 25–50 proc. genotipo grupei, pasižymėjo ilgiausiais speniais, pasiekdamos didžiausią vidutinį spenių ilgio vertinimo balą – 4,67 ($\pm 0,03$). Tuo tarpu didėjant kraujo laipsniui, ≥ 50 proc. genotipo grupėje karvių spenių ilgis trumpėjo, o spenių vertinimo balas buvo 2,36 proc. žemesnis ($p < 0,05$). Nustatėme, kad 25–50 proc. genotipo karvės dažniausiai buvo įvertintos 4 balais. Šią grupę sudarė daugiausia ŽH (30,31 proc.), HOL – 25,96 proc., o AI – 23,40 proc. Optimalų 6 balų įvertinimą pasiekė 10 proc. analizuojamų karvių, iš kurių didžiausią dalį sudarė HOL (48,76 proc.) ir ŽH (20,66 proc.) karvės. Genotipo ≥ 50 proc. karvių grupėje dauguma karvių taip pat buvo įvertintos 4 balais, iš kurių didžiausią dalį sudarė ŽH karvės (76,07 proc.). Optimalų 6 balų įvertinimą gavo 7,83 proc. karvių, iš kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (61,11 proc.).

1996 metais atliktame tyrime žalujų veislės karvių spenių ilgis buvo įvertintas žemesniais balais nei mūsų tyrime: pirmaveršių karvių spenių ilgis įvertintas 3,76 balo, o suaugusių karvių – 3,13 balo. Optimalus balas šiuo atveju buvo 5 [141].

Kiti užsienio mokslininkai nustatė panašius spenių ilgio vertinimo vidutinius balus. Pavyzdžiui, Čekijos holšteinų veislės karvės buvo įvertintos 4,68 balo [153] ir 4,7 balo [154], Lenkijos holšteinų fryzų veislės karvės – 5,39 balo [140].

Spenių storis. Lietuvos žалуjų galvijų atviroje populiacijoje spenių storio vidutinis vertinimo balas, lyginant abu laikotarpius, HOL 25–50 proc. genotipo grupėje nustatytas 0,4 punkto mažesnis ($p < 0,001$). Dar didesnis pokytis buvo užfiksuotas karvių grupėje, kurioje HOL kraujo laipsnio dalis siekė ≥ 50 proc.: balas sumažėjo 0,516 punkto ($p < 0,001$).

Šiuo metu veisiamoje Lietuvos žалуjų galvijų populiacijoje ploniausi speniai buvo nustatyti HOL ir NEŽ 25–50 proc. genotipo karvių, atitinkamai $3,46 \pm 0,04$ ir $3,91 \pm 0,09$ ($p < 0,001$). Storiausi speniai buvo nustatyti ŠŽ ≥ 50 proc. genotipo karvių ($4,66 \pm 0,11$), kurie buvo 0,46 punkto storesni nei ŽH karvių ($p < 0,001$). Ploniausi speniai buvo nustatyti to paties genotipo HOL karvėms ($3,24 \pm 0,04$), kurie buvo 1 balu plonesni negu ŽH karvių speniai ($p < 0,001$).

Kitų mokslininkų atliktais tyrimais [141], buvo nustatyta, kad žалуjų veislės pirmaveršių karvių spenių storis buvo įvertintas 4,71 balo, o suaugusiųjų karvių – 4,17 balo. Optimalus balas buvo 5.

Nustatyta, kad didžiausios dalies 25–50 proc. genotipo karvių spenių storis buvo įvertintas 4 (31,53 proc.) ir 5 (31,65 proc.) balais. Optimalų 5 balų įvertinimą gavo karvės, kurių didžiausią dalį sudarė ŽH (31,37 proc.), HOL (24,05 proc.) ir AI (23,53 proc.). Genotipo ≥ 50 proc. grupėje daugumos karvių (68,31 proc.) spenių storis buvo įvertintas 4 ir 5 balais, iš kurių didžiausią dalį (77,19 proc.) sudarė ŽH karvės.

Tešmens užpakalinės dalies aukštis. Atviroje Lietuvos žалуjų galvijų populiacijoje ŽH ≥ 50 proc. genotipo karvių, gimusių po 2011 metų, nustatyti 0,351 punkto mažesni tešmens užpakalinės dalies aukščio balai nei karvių, gimusių iki 2010 metų, 25–50 proc. genotipo – 0,470 punkto ($p < 0,001$). Gauti rezultatai parodė, kad ŽH karvių, gimusių vėliau, tešmens užpakalinės dalies aukštis buvo vertinamas žemesniu balu nei anksčiau gimusių karvių.

Šiuo metu veisiamoje Lietuvos žалуjų galvijų populiacijoje ŽH 25–50 proc. genotipo karvių tešmens užpakalinės dalies aukštis siekė $5,83 \pm 0,05$ balo ($p < 0,001$). Lyginant pagal genotipus, ŽH karvių balai buvo 0,19 punkto ($p < 0,001$), o HOL veislės – 0,16 punkto ($p < 0,01$) aukštesni.

Čekijos mokslininkų E. Nėmcovos, M. Štípkovos ir L. Zavadilovos [154] atliktuose tyrimuose nustatytas tešmens užpakalinės dalies aukštis buvo 5,6 balo.

Mūsų tyrimo duomenimis tešmens užpakalinės dalies aukščio įvertinimas abiejuose genotipuose genotipuose didžiausia dalis karvių (39,30 proc.) buvo įvertintos 6 balais. Optimalų balą 25–50 proc. ir ≥ 50 proc. genotipo grupėse atitinkamai gavo tik 4,05 ir 5,56 proc. karvių.

Anskienės tyrime [77] nustatyta, kad 24,28 proc. visų tirtų karvių pagal tešmens užpakalinės dalies aukštį buvo įvertinta optimaliu balu, vidutinis holšteinų veislės kraujo laipsnis buvo $63,0 \pm 0,18$ proc.

Genetinės vertės nustatymo (BLUP) metodikos. Skirtingų fenotipinių požymių svarbos įvertinimas parodė, kad visų šalių, tame tarpe ir Lietuvos, veisimo organizacijoms svarbiausi požymiai yra produktyvumas, eksterjeras ir tešmens sveikata. Kiti požymiai, tokie kaip ilgaamžiškumas ir vaisingumas, skirtingų šalių veisimo programose turi skirtingą reikšmę. Subjektyviai vertinamos veršiavimosi ir darbingumo savybės. Visų požymių svoris turėtų turėti vienodą išraiškos pagrindą, kurį sunku pasiekti subjektyviai vertinamiems požymiams. Daugelyje veisimo programų tikslai nėra tinkamai apibrėžti [49]. Jei veislininkystės organizacijos nori išplėsti savo veisimo programas įtraukdamos naujus požymius, jų sprendimas priklausys nuo teisingai apibūdintų požymio savybių. Be to, veisimo programų veiklos rezultatai matomi tik po daugelio metų [49], tad investicijos į veisimo programas dažnai yra susijusios su greičiau įvertinamų požymių matavimu ir genetiniu vertinimu.

Lietuvoje, kaip ir kitose šalyse, veisimo programų efektyvumas priklauso nuo daugelio fenotipinių požymių vertinimo. Iki šiol veisimo organizacijoms svarbiausi buvo produktyvumo, eksterjero ir tešmens sveikatos požymiai. Tačiau naujausi tyrimai rodo, kad siekiant holistinio požiūrio į veisimą, būtina įvertinti ir kitus svarbius veiksnius. Šiuo metu Lietuvoje reikėtų skirti daugiau dėmesio ir įtraukti į vertinimo sistemas tokius požymius, kaip ilgaamžiškumas, vaisingumas bei veršiavimosi savybės, kurios subjektyviai vertinamos, tačiau yra būtinos gerinant veisimo rezultatus. Toliau atlikta funkcinių požymių analizė atskleidė, kad ne vien eksterjeras, produktyvumas ar tešmens sveikata yra svarbūs. Karvių ilgaamžiškumas, vaisingumas ir veršiavimosi savybės taip pat turi didelę reikšmę, ypač atsižvelgiant į šiuolaikines veisimo programų tendencijas ir tikslus.

Imunogenetiniai tyrimai. Genetinių tyrimų duomenys atskleidė svarbius faktus apie genetinę įvairovę ir populiacijų struktūras atviroje ir senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijose. Analizė parodė, kad informatyviausi buvo EAC ir EAB lokusai ir abiejose analizuojamose populiacijose nustatytos aukščiausios heterozigotiškumo (*Ho*) reikšmės. Tai atspindi giminingų tėvų poravimosi ar genetinio dreifo poveikio rezultatus, taip pat rodantis, kad individo lokusas motinos ir tėvo pusėse turi vienodu alelius.

Tyrimas parodė, kad tik Lietuvos žalųjų galvijų atviroje populiacijoje EAB genetinėje sistemoje nustatyti aleliai *I'* (0,01), *I2* (0,045) ir *Q* (0,015) buvo identifikuoti ir 1966 metais atliktame Ibrahim ir kt. tyrime [155], kur buvo nustatyti Danijos žalųjų galvijų alelių dažniai *I'* (0,012), *I2* (0,024) ir *Q* (0,017).

Genetinių parametrų duomenys parodė, kad didžiausias vidutinis alelių skaičius buvo užfiksuotas atviroje populiacijoje (10,333). Tuo tarpu Skaistgirio ir LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijose vidutiniai alelių skaičiai buvo 50 proc. mažesni.

Mūsų atliktame tyrime atviroje Lietuvos žalujų (LŽ) galvijų populiacijoje nustatytas aukščiausias ($He = 0,547$). Palyginus šį indeksą su Tapio ir kt. [156] atlikto tyrimo, grindžiamo mikrosatelitų analize, duomenimis, Lietuvos žalujų populiacijos indeksas buvo žemesnis nei kitų Europos galvijų veislių: Estijos žalujų (0,682), Norvegijos žalujų (0,703), Švedijos žalujų bei žalmargių (0,682). Tai parodo, kad mūsų analizuojamoje LŽ atviroje populiacijoje yra mažesnė genetinė įvairovė, lyginant su kitomis Europos galvijų veislėmis.

Tačiau atviros LŽ populiacijos heterozigotiškumo koeficientas $Ho = 0,741$ pagal imunogenetinius tyrimus buvo aukštesnis, lyginant su Tapio ir kt. [156] pateiktais mikrosatelitų duomenimis, kur Estijos žaliesiems nustatytas koeficientas 0,638, Švedijos žaliesiems ir žalmargiams – 0,689, o Norvegijos žaliesiems – 0,715.

Kaip parodė mūsų analizė, mažiausios heterozigotiškumo reikšmės – 0,476 – buvo stebimos atkuriamoje LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje, o mažiausios homozigotiškumo reikšmės – 0,699 – Skaistgirio. Palyginimui, Danijos žalujų populiacijos lauktasis heterozigotiškumo indeksas, grindžiamo mikrosatelitų analize, buvo nustatytas kaip 0,561, o homozigotiškumo indeksas – 0,553 [156].

Aukštas kryžminimo lygis yra svarbus veiksnys, skatinantis heterozigotiškumo didėjimą, kuris dažnai yra glaudžiai susijęs su populiacijos dydžiu [157]. Tyrime nustatyta, kad atviroje LŽ populiacijoje pasiekiamos aukščiausios heterozigotiškumo vidutinės reikšmės, matuojamos pagal He ir Ho rodiklius. Šios aukštos reikšmės gali būti susijusios su lanksčia atviros kilmės knygos registro vedimo tvarka. Be to, atvirų populiacijų heterozigotiškumą gali padidinti į populiaciją įtraukiami nauji buliai.

Žemesnis heterozigotiškumas dažnai būdingas uždarams veisimo populiacijoms [158], kadangi genetinės medžiagos migracija iš kitų populiacijų yra neleistina. Tai patvirtina mūsų tyrimas, kuriame nustatytas žemesnis heterozigotiškumas LŽ senajam genotipui. Homozigotiškumo didėjimas veislėje gali sukelti įvaisos depresiją ir ženkliai sumažinti veiklos efektyvumą, ypač vaisingumo požiūriu, ir sustiprinti monogeninių recesyvinių sutrikimų pasireiškimą [39].

Didžiausias genetinis atstumas, matuojamas Nei genetinio atstumo metodika, nustatytas tarp Skaistgirio subpopuliacijos ir atviros populiacijos, siekiantis 0,040. Šis rodiklis rodo, kad šių populiacijų alelių dažnių skirtumai yra didesni, parodant didesnę genetinę diferenciaciją. Tuo tarpu mažiausias genetinis atstumas, kuris yra 0,033, nustatytas tarp LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijos ir atviros populiacijos, atspindi artimesnę genetinę ryšį ir mažesnius alelių dažnių skirtumus tarp šių dviejų grupių.

Zatoń-Dobrowolska ir kt. [159] atliko analizę, remiantis mikrosatelitų tyrimais, kurioje buvo įvertintos Lenkijos žalujų, Vokietijos žalujų ir Čekijos

žalųjų populiacijos. Šiame tyrime nustatyti ryškesni genetiniai skirtumai tarp populiacijų, palyginti su mūsų tyrimo rezultatais. Mažiausias genetinis atstumas, matuotas pagal Nei metodą, tarp Lenkijos žalųjų ir Vokietijos žalųjų populiacijų buvo 0,1121.

Didžiausia populiacijų diferenciacija pagal *Fst* reikšmę – 0,024 – nustatyta tarp Skaistgirio subpopuliacijos ir LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijos, parodo, kad tarp šių dviejų grupių yra tam tikras, nors ir ne itin didelis, genetinis skirtumas. Ši reikšmė rodo, kad nepaisant to, jog populiacijos bendrai dalijasi dauguma genetinių variantų, apie 2,4 proc. genetinės įvairovės yra specifinė kiekvienai iš šių grupių. Mažiausia *Fst* reikšmė – 0,019 – tarp LSMU GI subpopuliacijos ir atviros populiacijos rodo dar mažesnę genetinę diferenciaciją tarp šių grupių.

Tyrimas, kurį atliko Prusak ir kt. [160], parodė žymiai didesnes *Fst* reikšmes, svyruojančias nuo 0,247 iki 0,941, tarp Lenkijos pieninių galvijų populiacijų. Šie duomenys atspindi didelę genetinę diferenciaciją tarp skirtingų Lenkijos galvijų veislių.

Išanalizavus tirtus galvijus nustatyta, kad 77 proc. atviros populiacijos galvijų buvo priskirti savai populiacijai, o 23 proc. – kitoms populiacijoms. LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacijoje 94 proc. galvijų buvo priskirti savai populiacijai ir tik 6 proc. – kitoms. Tuo tarpu Skaistgirio subpopuliacijoje 87 proc. galvijų buvo priskirti savai populiacijai, o 13 proc. – kitoms populiacijoms.

Šie duomenys atspindi, kad nors Skaistgirio ir atviros populiacijos turi tam tikrą persidengimą tarpusavyje, LSMU Gyvulininkystės instituto subpopuliacija yra labiau izoliuota. Šie rezultatai parodo, kad skirtingų populiacijų genetinis savitumas išlieka gana ryškus, nepaisant tam tikros genetinės integracijos tarp kai kurių grupių.

SNP tyrimai. Tyrime siekta nustatyti atviros ir senojo genotipo Lietuvos žalųjų populiacijų genetinius panašumus tarpusavyje ir su kitomis Europos žalųjų galvijų veislėmis. Šiam tikslui pasiekti buvo atlikta pagrindinių komponentų analizė (PCA). Tyrimų rezultatai atskleidė, kad dalis atviros populiacijos Lietuvos žalųjų yra išsibarstę tarp įvairių veislių, tačiau kita dalis patenka į bendrą grupę su šiaurės šalių žalaisiais. Senojo genotipo Lietuvos žalieji, kartu su senojo genotipo anglerais, išsidėsto arčiau švicų grupės, tai siejama su veislės formavimo procesu, kurio pirmuose etapuose naudoti Danijos žalieji, anglerai, švicai ir kitos veislės [2, 14, 161].

Ryškus dabartinių atviros populiacijos Lietuvos žalųjų grupavimasis kartu su šiaurės šalių veislėmis parodo aiškią Lietuvos žalųjų galvijų gerintojų asociacijos selekcijos kryptį, nukreiptą į bendrą šiaurės šalių žalųjų galvijų panaudojimą. Didžiausios žalųjų galvijų populiacijos, kurios iš viso apima

162 000 karvių, yra auginamos Šiaurės Europos šalyse: Suomijos airšyrai (70000), Švedijos žalieji (66000) ir Danijos žalieji (26000).

Analizuodami žaliųjų galvijų veislių pasiskirstymą pagal klasterius nustatėme, kad atviros populiacijos Lietuvos žalieji patenka į vieną klasterį kartu su švedų, suomių ir norvegų žalaisiais galvijais. Senojo genotipo Lietuvos žalieji galvijai grupuojami su senaisiais Danijos žalaisiais, senaisiais anglerų veislės galvijais bei kaimyninės Lenkijos žaliųjų galvijų veisle, turinčia tarpautinę reikšmę, pripažįstama kaip vietinė veislė, auginama Lenkijoje, turinti ekonominę reikšmę šalies istorijoje [50].

Schmidtman ir kt. [13] teigia, kad Šiaurės žaliųjų pieninių veislių veisimo programos vykdomos nacionaliniu lygiu, siekiant palaikyti genetinę įvairovę mažesnėse populiacijose. Veisimo programų vykdymas mažoms populiacijoms yra brangus ir neefektyvus, todėl ekonomiškai prasmingas yra bendradarbiavimas tarp veisimo įmonių, kuriant bendrą genetinę atskaitos bazę. Bendradarbiavimas leidžia pasidalinti pradines išlaidas ir užtikrinti tvarią genetinę pažangą.

Ekonominė funkcinių požymių svarba. Pastaruoju metu vis daugiau dėmesio pieninėje galvijininkystėje yra skiriama galvijų funkcinių požymių gerinimui, susijusiam su gamybos sąnaudų mažinimu. Kadangi mažinant požymių sąnaudas, susijusias su galvijų sveikata, reprodukcija, veršiamumosi ir ilgaamžiškumu, yra galimybė padidinti bandos efektyvumą. Egger–Danner ir kt. [162] teigė, kad daugelis funkcinių požymių turi neigiamą genetinę koreliaciją su pieno primilžiu. Gauti tyrimo rezultatai parodė didelę ekonominę funkcinių požymių svarbą analizuojamų galvijų veislėms: didžiausios simuliacinės ekonominės vertės (EV) buvo nustatytos karvių apvaisinimo indekso (bendros ekonominės išlaidos siekia nuo 195 iki 382 Eur už vieną atvejį) ir karvių rujos nustatymo indekso (nuo 163 iki 274 Eur per atvejį). LJAP ir LŽAP ekonominės vertės (EV) pagal 1 kg perskaičiuoto pieno (ECM) buvo vienodos – 0,16 Eur/kg ECM, LŽSG EV buvo didesnės – 0,21 Eur/kg ECM. Tam įtakos turėjo mažesnės pašarų sąnaudos dėl mažesnio LŽSG galvijų pieno primilžio. Panašūs rezultatai buvo užfiksuoti ir tarp Lenkijos holšteinų (PH) bei Lenkijos žaliųjų (PR) galvijų [48]. Vokietijos holšteinų, anglerų bei žaliųjų ir žalmargių galvijų ekonominės (ECM) vertės buvo vienodai aukštesnės, siekiamos 0,32 Eur/kg visoms veislėms [44].

Analizuojant sveikatos požymių ekonomines vertes nustatyta, kad visų iš analizuojamų ligų mažiausi simuliaciniai nuostoliai, išskyrus metrito atvejus, yra Lietuvos žaliųjų galvijų senojo genotipo, didžiausi – Lietuvos juodmargių galvijų atviros populiacijos. Atlikus sveikatos požymių EV įvertinimą buvo nustatyta, kad didžiausios EV buvo nustatytos mastito atveju visose trijose veislėse: LJAP, LŽSG ir LJAP. Rezultatai parodė, kad bendros išlaidos vienam mastito atvejui svyruoja nuo 164 iki 182 eurų, įskaitant tiesiogines

išlaidas, tokias kaip veterinarinis gydymas ar finansiniai nuostoliai dėl nepanaudoto pieno ir papildomų darbo sąnaudų. Tiesioginis skirtingų šalių EV palyginimas mažai tikėtinas dėl skirtingų ekonominių prielaidų ir skirtingų gamybos sistemų, tačiau galima palyginti EV tendencijas skirtingų savybių atžvilgiu. Pasak Schmidtmann ir kt. [44], didžiausia mastito EV buvo Vokietijos pieninių galvijų veislėse, kurių bendros ekonominės išlaidos vienam mastito atvejui buvo nuo 257 iki 271 Eur. Didesnes sąnaudas pirmiausia lėmė didesnės gydymo išlaidos. Mažesnė klinikinio mastito ekonominė vertė (70,65 Eur už vieną atvejį vienai karvei per metus) buvo apskaičiuota tyrime su Pinzgau veislės galvijais [163].

Ozsvari [164] teigimu, dėl šlubavimo patiriamų nuostolių dydis įvairių šalių pieno ūkiuose yra labai panašus ir dažniausiai svyruoja nuo 100 iki 300 eurų vienam atvejui. Šlubavimas pieninių galvijų populiacijose yra aktuali problema ir mūsų tyrime nagų ligų atveju nustatyti simuliaciniai nuostoliai siekė nuo 107 iki 127 eurų. Vokietijos galvijų veislių populiacijose mastitas ir šlubavimas turėjo didžiausią EV [44]. Enting ir kitų autorių [91] duomenimis, Olandijos pieno ūkiuose raguočių šlubumas užėmė trečią vietą po mastito ir vaisingumo problemų. Didžiausias simuliacinis ekonominis nuostolis tarp veislių nustatytas karvių gaištamumo požymiui: mažiausias LŽSG (–918 Eur), didžiausias LŽAP (–1144 Eur). Lenkijos žalųjų veislių galvijų analizė parodė, kad karvių gaištamumo EV siekė nuo 1208 iki 1239 Eur [48]. Taip pat gauti mūsų analizės tyrimo rezultatai parodė didelę ekonominę vaisiaus žūties ir veršelių gaištamumo (vėlyvojo) požymių svarbą visų analizuojamų galvijų veislėms.

Apibendrinami rezultatus galime teigti, kad norint pagerinti bandos efektyvumą, didelis dėmesys turėtų būti kreipiamas ne tik į produktyvumo požymius, bet ir į sveikatos, reprodukcijos ir išgyvenimo požymius. Lietuvoje tiesioginiai sveikatingumo požymiai kol kas nebuvo įtraukti į nacionalinį genetinį vertinimą, kadangi trūksta registruotų duomenų, tačiau jie yra labai svarbūs ir padeda gerinti bandos pelningumą; skirtingai nei Vokietijoje, Norvegijoje, Danijoje, Švedijoje ir Suomijoje, kur tiesioginiai sveikatos požymiai oficialiai įtraukti į nacionalinį genetinį vertinimą [49, 163, 165]. Taigi labai svarbu, kad visos sveikatos požymių charakteristikos ūkiuose turėtų būti registruojamos ir vėliau įtraukiamos į bandos valdymo programas.

IŠVADOS

1. Lietuvos žalujų galvijų kilmės analizė parodė, kad atviroje populiacijoje iki 2010 metų dominavo žalmargiai holšteinų genotipo galvijai, kurie sudarė 30 proc., 23 proc. – Švedijos žalmargiai, 14 proc. – airšyrai, o po 2011 metų – žalmargių holšteinų genotipo galvijų padaugėjo iki 48 proc., holšteinų – iki 24 proc., o Švedijos žalmargių sumažėjo iki 8 proc. Senojo genotipo LŽ galvijų populiacija išliko stabili, ją sudarė 30 proc. Lietuvos žalujų, 25 proc. anglerų ir 25 proc. Danijos žalujų genotipo galvijai, o nežinomos kilmės genotipo dalis sumažėjo iki 9 proc.
2. Kaip parodė mūsų tyrimai 1983–1995 metų laikotarpiu Lietuvos žalujų galvijų su pilnai žinoma kilme pirmoje kartoje buvo mažiau nei 47 proc., o mažiausiai jų buvo nustatyta 1988 metais, atviroje populiacijoje jie sudarė tik 27,8 proc., o senojo genotipo populiacijoje – 46,2 proc.
3. Analizuojant efektyvaus populiacijos dydžio rodiklius nustatyta, kad per 2005–2021 metų laikotarpį abiejų populiacijų genetinė įvairovė mažėjo. Senojo genotipo LŽ galvijų populiacijos efektyvumo rodiklis pagal tėvų skaičių sumažėjo iki kritinės būklės ($N_e = 42$), o atviros savarankiškos populiacijos – iki $N_e = 3855$. Senojo genotipo LŽ N_e pagal įvaisos koeficientą buvo tik 13 proc. mažesnis nei atviros populiacijos galvijų, o vidutinis įvaisos koeficientas padidėjo 57 proc. Tuo tarpu atviros populiacijos vidutinis įvaisos koeficientas sumažėjo 29 proc. ir gyvūnų, gautų giminingo poravimo būdu, padaugėjo.
4. Imunogenetiniai tyrimai parodė, kad atviroje LŽ populiacijoje yra didesnė genetinė įvairovė – vidutinis alelių skaičius sudaro 10,3, o senojo genotipo LŽ populiacijoje yra dvigubai mažiau (5,1), tikėtinas heterozgotiškas atitinkamai 0,547 ir 0,476.
5. Pavienių nukleotidų pagrindinių komponentų ir klasterinė analizė leiddžia daryti išvadą, kad atvira LŽ populiacija turi panašumų su Šiaurės šalių žalujų galvijų veislėmis, įskaitant Švedijos, Suomijos ir Norvegijos žaluosius galvijus. Senojo genotipo LŽ galvijai turi daugiau panašumų su senaisiais Danijos žalaisiais ir anglerų veislės bei Lenkijos žalaisiais galvijais.
6. Viduveislinė atviros Lietuvos žalujų populiacijos karvių produktyvumo analizė parodė, kad HOL genotipo grupei priskiriamos karvės vidutiškai davė daugiausia pieno per laktaciją. Tačiau HOL kraujo laipsniui viršijant 50 proc., pieno kiekis mažėjo ($p < 0,001$), tuo tarpu ŽH veislės karvių – didėjo ($p < 0,001$). Panaši tendencija pastebėta ir analizuojant

pieno baltymų bei riebalų kiekius. Senojo genotipo karvių vidutinis pieno produktyvumas buvo 30 proc. mažesnis nei atviros populiacijos, bet pienas buvo 0,13 proc. baltymingesnis.

7. Analizuojant fenotipinius rodiklius nustatyta, kad senojo genotipo LŽ populiacijoje didėjant kraujo laipsniui kūno bendrojo išsivystymo požymiai gerėjo, o po 2011 metų atviros populiacijos Lietuvos žalųjų karvių bendro kūno išsivystymo vertinime karvių aukštis ir užpakalio kampas – pagerėjo, o kūno gylio – pablogėjo. Aukščiausios buvo HOL genotipo karvės (vidutinis aukštis – 146 cm), o senojo genotipo karvės buvo 11 cm žemesnės. Analizuojant abiejų populiacijų galūnių ir tešmens požymių vertinimą nustatyta, kad šie požymiai buvo įvertinti žemesniais negu optimalūs balais, išskyrus atviros populiacijos galvijų užpakalio kampą, užpakalinių kojų kampą ir spenių storį.
8. Vertinant ekonomines vertes pagal simuliacinį modelį, nustatyta, kad Lietuvos žalųjų galvijų atviroje populiacijoje vieno kilogramo pieno ekonominė vertė buvo 31 proc. mažesnė negu senojo genotipo galvijų dėl mažesnių pašarų sąnaudų. Mažesnės neigiamos sveikatos požymių ekonominės vertės, išskyrus metritą, buvo nustatytos senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų populiacijoje. Taip pat nustatyta, kad didžiausią neigiamą ekonominę vertę abiejose populiacijose turėjo mastitai (–1,73 proc. LŽAP, –1,64 proc. LŽSG), o teigiamos ekonominės vertės nustatytos vertinant vaisingumo požymius, iš kurių didžiausia teigiama ekonominė vertė nustatyta vertinant apsisivaisinimo indeksą (1,96 proc.). Pačios didžiausios neigiamos ekonominės vertės buvo apskaičiuotos karvių gaištamumo atveju, kurios senojo genotipo LŽ populiacijoje sudarė –9,18 proc., o atviroje LŽ populiacijoje –11,44 proc.

REKOMENDACIJOS

1. Rekomenduojame išlaikyti atskiras veisimo programas tiek atvirai, tiek senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų populiacijoms, siekiant išsaugoti genetinę įvairovę ir atsižvelgti į specifinius abiejų populiacijų poreikius. Ypatingas dėmesys turėtų būti skiriamas atkuriamai senojo genotipo Lietuvos žalujų galvijų populiacijai, siekiant didinti populiacijos efektyvumo rodiklį, mažinti įvaisos koeficientą ir užtikrinti kartų kaitą taip prisidedant prie genetinių išteklių išsaugojimo.
2. Remiantis galvijų fenotipinio vertinimo analize ir kitose Europos šalyse taikoma vertinimo praktika, rengiant veisimo programas siūlome didesnę dėmesį skirti galvijų funkcinių požymių gerinimui, ypatingai akcentuojant gyvulių sveikatą ir ilgaamžiškumą.
3. Lietuvos žalujų galvijų veisimo programoje siūlome praplėsti genetinio vertinimo modelį, įtraukiant svarbiausius funkcinius požymius.

SUMMARY

INTRODUCTION

Livestock production sector is less attractive compared to crop production due to the need for greater labor resources, continuous work process, and complex environmental, animal welfare, and veterinary requirements, which necessitate substantial investments. Animal products spoil quickly and require greater investment for further processing. The development of livestock farming is also influenced by the domestic and foreign market situation for animals and animal-based products as well as the purchasing power of the population. However, regardless of that, dairy industry in Lithuania continues to remain one of the priority agricultural sectors.

In Lithuania, two populations of dairy cattle are bred, i.e. Black-and-White and Red-and-White. The Black-and-White and Red-and-White populations account for 73 % and 27 % of all dairy cattle in Lithuania, respectively [1]. The Red-and-White cattle population in Lithuania covers thirteen breeds: Lithuanian Red, Angler, Danish Red, Latvian Blue, German Red, Ayrshire, Swiss, Swedish Red-and-White, Estonian Red, Holstein, Simmental, Norwegian Red, and Dutch Red. Lithuanian Red cattle currently constitute the majority of the Red-and-White cattle population. This breed has been developed and improved over more than a hundred years by crossbreeding local cattle with bulls of cultural breeds, primarily Danish Red [2]. The created Lithuanian Red cattle breed possesses unique genetic diversity and has been well adapted to local farming conditions.

However, the ongoing processes in cattle breeding currently raise increasing concerns about the loss of genetic diversity resources [3]. In pursuit of higher profits and due to highly developed commercial selection, traditional local breeds are being replaced by high-yield industrial breeds, causing some breeds to disappear and others to become endangered, especially in economically developed countries [4]. Undoubtedly, these processes also have an effect on the Lithuanian Red cattle population. The genetic material from highly productive commercial breeds, primarily from Holsteins and Red-and-White Holsteins, is widely used for their improvement. Only a small part of Lithuanian Red cattle is bred pure. Therefore, Lithuanian Red cattle are currently divided into the old genotype and open populations.

In order to preserve the old genotype of Lithuanian Red cattle, conservation efforts began in 2001. Initially, a herd of 100 cows was formed at Skaistgirys Agricultural Cooperative (Joniškis district). In 2011, when the cooperative ceased pure breeding of cattle, the Lithuanian University of Health Sciences (LUHS) Institute of Animal Science began forming a herd of the old genotype

Lithuanian Red cattle by conducting selective breeding and accumulating the gene bank. Although a few cows of this breed are still kept by private breeders, the total number of cows bred pure in the country is very small and accounts for only 0.04 % of all dairy cows in Lithuania [1]. Currently, the population has decreased to a critical level, making it necessary to expand conservation efforts and implement effective measures.

Considerable attention should be also paid to the breeding work in the open population of Lithuanian Red cattle. With a strong focus on improving and increasing animal productivity, the breed's unique characteristics could be lost as well as the maintenance of its genetic diversity.

Although the breed possesses unique characteristics, they are not sufficiently utilized. Therefore, to use the breed's unique traits more efficiently, improve population management and the conservation strategy of its genetic resources by simultaneously increasing competitiveness, it is necessary to evaluate the functional productive traits of Lithuanian Red cattle and determine their relationships and interactions with genetic and economic indicators.

The aim of the study

To assess the intrabreeding genetic potential, productive and phenotypic traits of the Lithuanian Red cattle population, similarities and differences with European Red cattle populations, and to calculate the economic values of the functional traits that influence the efficiency and competitiveness of the population.

Objectives

1. To analyse the origin of Lithuanian Red cattle by evaluating genetic potential, intrabreed structure, and genetic relationships.
2. To conduct genetic studies of Lithuanian Red cattle to determine the intrabreed and interbreed variability and genetic relationships with European Red cattle populations (genetic similarities/differences).
3. To analyse the changes in the productive and phenotypic traits of Lithuanian Red cattle and to evaluate the impact of functional traits on economic indicators.

Relevance and novelty of the work:

The genetic resources of farm animals and their genetic diversity represent a unique and irreplaceable heritage that must be preserved for future generations. Maintaining genetic diversity and preserving the unique traits of breeds can be the key to the successful adaptation of livestock populations to inevitable present and future changes. However, there has been a rapid decline in the diversity and loss of animal genetic resources in recent years.

Market globalization, significant changes in production systems and consumer preferences, as well as intensification of specialized breeding processes, reduce the economic viability and competitiveness of small populations. Therefore, the only way to preserve and integrate small populations into the broader breeding system is to identify, describe, and evaluate their specific genetic, functional, and economic traits. This knowledge should be applied to improve breeding strategies and production schemes to enhance breed competitiveness by leveraging their uniqueness.

The novelty of this dissertation lies in the comprehensive assessment of the structural changes within the open and closed populations of Lithuanian Red cattle, taking into account intra-breed genetic diversity. For the first time, the genetic characterization of Lithuanian Red cattle populations has been performed using single nucleotide polymorphism (SNP) analysis, and also a cross-breed comparison with other European Red cattle populations has been conducted. Additionally, for the first time in Lithuania, the economic values of the functional traits of Lithuanian Red cattle have been calculated and assessed, allowing to determine the impact of these traits on the economic efficiency and competitiveness of cattle populations. A comprehensive evaluation of productive and phenotypic traits was also conducted, which enabled an assessment of the results of selective breeding work within these populations.

The results obtained from the assessment of the genetic potential and genetic studies of Lithuanian Red cattle are crucial for optimizing the implementation of breeding programs, as they provide valuable data for the conservation of genetic diversity and the improvement of selection strategies. Application of differentiated breeding solutions ensures genetic diversity preservation in closed populations while simultaneously increasing productivity and competitiveness in open populations. Thus, these strategies facilitate the effective utilization of genetic resources and promote sustainable productivity growth, contributing to the long-term development of the livestock sector.

The phenotypic evaluation analysis of cattle breeds and the assessment of evaluation practices used in other European countries suggest that greater emphasis should be placed on improving the functional traits of cattle in practical activities, with particular attention to animal health and longevity. Additionally, the genetic evaluation model applied in the Lithuanian Red cattle breeding strategy should be expanded to include the most important functional traits.

MATERIALS AND METHODS

The scientific research was conducted from 2019 to 2024 at the Institute of Animal Science of the Lithuanian University of Health Sciences. The research included the following: cattle pedigree analysis, analysis of phenotypic data, analysis of genetic value estimation methods, genetic studies, and evaluation of the economic values of functional traits.

Cattle pedigree analysis

The statistical program „PopReport“ [65], developed by the German Institute of Animal Genetics, was used to analyse of the pedigree of Lithuanian Red cattle (LROP) and Lithuanian Black-and-White (LBWOP) open populations, as well as Lithuanian Red (LROG_MSH) and Lithuanian Black-and-White (LBWOG_MSH) old genotype cattle populations. These populations are recorded in the main and supplementary sections of the herdbook.

To get better understanding of the populations which are under conservation and to avoid casual influence of other breeds, we have singled out a separate group of herdbooks (main chapter) consisting of the animals whose father and mother belong to the same breed (LROG_MH and LBWOG_MH).

The pedigree completeness data for the populations of local animal breeds were calculated using MacCluer's [92] formulas:

$$I_d = \frac{4I_{dpat} \times I_{dmat}}{I_{dpat} + I_{dmat}} \quad \text{and} \quad I_{dk} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i,$$

where k represents the paternal (*pat*) or maternal (*mat*) line of an individual, a_i is the proportion of known ancestors in generation i , whereas d is the number of generations considered in the calculation of pedigree completeness. The values for pedigree completeness range from 0 to 1. If all ancestors of an individual to some specified generation (d) are known, then $I_d = 1$, or if one of the parents (i.e., sire or dam) is unknown, $I_d = 0$.

To evaluate breeding intensity and progress, the structure of the populations was determined based on the number of males and females used for breeding, considering reproduction age and generation interval. The average age distribution of males and females used for breeding was analyzed according to the birth years of the offspring, taking the average age of the parents (males and females separately).

The generation interval is one of the most important factors influencing the genetic structure of an animal population: the shorter the interval, the faster the changes in the population. The generation interval is calculated on the

basis of on the average age of the parents when their offspring, which are used to produce the next generation, are born [62].

The average generation interval in the population is calculated by taking the age of each parent at the birth of their offspring and averaging the ages across all parents. An offspring is considered selected if it had at least one offspring of its own. The generation intervals for males and females were calculated for each population.

The analysis of the number of founder populations is an essential part in the study of animal breeding systems. This analysis focuses on population history and genetic diversity. The analyzed period was divided into certain periods in order to observe changes in the number of starters over a certain period of time. The analysis of the number of founders of the population based on gender was carried out to the first generation pedigree data, where N_1 – founders with unknown parents, N_2 – founders with only females known parents, N_3 – founders with only males known parents.

During the study, the prevalence of animals obtained through inbreeding was calculated for individual years, as well as the degree and coefficient of inbreeding. To determine the degree of inbreeding, the data were divided into 11 classes, with each class interval being 5 %. The last, 11th class included all animals with an inbreeding degree of >50 %. Additionally, the study analyzed the total number of inbred animals and their degree of inbreeding for individual years, as well as the number of all animals and inbred animals (males and females per year).

An analysis of the inbreeding coefficient of inbred animals within the populations was also conducted annually.

The inbreeding coefficient was calculated according to Wright's [93, 94] formula:

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+n'+1} (1 + F_a) \right],$$

where F_x is the inbreeding coefficient of the animal in question; n and n' represent the number of generations between the sire and dam, respectively, and their common ancestors; and F_a is the inbreeding coefficient of the ancestor common to both the sire and the dam.

The analysis of inbreeding data was conducted based on the total number of inbred cattle and their degree of inbreeding for individual birth years of the offspring.

The effective population size (Ne) was calculated using two methods, based on the degree of inbreeding and the number of parents:

This study presents two methods for estimating the effective population size (Ne):

$Ne-\Delta F$ – based on the rate of inbreeding

$$Ne = \frac{1}{2} \times \Delta F$$

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}},$$

where

$F_t = \odot$ inbreeding coefficient of offspring,

$F_{t-1} = \odot$ inbreeding coefficient of direct parents [62].

$Ne-Cens$ – based on the number of parents

$$Ne = \frac{4N_m \times N_f}{N_m + N_f} \times 0.7,$$

where

N_m = number of males per generation,

N_f = number of females per generation [94].

Analysis of phenotypic data

Considerations in predominant bloodline degree analysis

To assess the predominant blood proportion in the populations, an analysis of the ancestry data of Lithuanian Red cattle (open and old genotype populations) was performed based on the degree of blood proportion.

For the analysis, the open Lithuanian Red cattle population ($n = 301,083$, with 161,023 in the main herd book section and 140,060 in the supplementary section) was divided into two main groups based on the birth period: the first group includes cattle born up to and including 2010, and the second group includes cattle born from 2011 onwards. Each group was subdivided into two subgroups based on the predominant breed blood proportion: one subgroup with cattle having 25–50 % predominant blood proportion (25–50 % genotype), and the other with cattle having more than 50 % blood proportion (≥ 50 % genotype).

The old genotype Lithuanian Red cattle ($n = 595$, with 530 in the main herd book section and 65 in the supplementary section) were similarly divided into two groups based on the predominant breed blood proportion: one group with cattle having 25–50 % blood proportion (25–50 % genotype), and the other with cattle having more than 50 % blood proportion (≥ 50 % genotype).

Analysis of milk productivity indicators

The analysis of milk productivity data for 305 lactation days of both populations of Lithuanian Red cattle (old genotype and open) was conducted using the data obtained from the State Enterprise „Agricultural Data Center“ database.

For the productivity analysis, the cows from the open population of Lithuanian Red cattle ($n = 84,444$) were divided into two groups based on their birth period (born up to and including 2010, from 2011) and predominant breed blood, as in the analysis of predominant bloodline degree (25–50 % and ≥ 50 % genotypes).

Currently, the cows from the open Lithuanian Red cattle population ($n = 9,947$) and the old genotype Lithuanian Red cows ($n = 181$) were also divided into two groups based on the predominant breed blood proportion: one group with cows having 25–50 % blood proportion (25–50 % genotype), and the other with cows having more than 50 % blood proportion (≥ 50 % genotype).

Analysis of exterior traits

For a more detailed exterior analysis, the groups were formed in a manner similar to productivity analysis: the open population of Lithuanian Red cattle ($n = 41,506$), the currently bred open population of Lithuanian Red cattle ($n = 8,392$), and the old genotype of Lithuanian Red ($n = 126$).

To further examine the distribution of the breeding traits in the currently bred open population of Lithuanian Red cattle, an analysis of exterior indicators was performed, considering the evaluation scores and the distribution of cow numbers, distinguishing between 25–50 % genotype ($n = 2,417$) and ≥ 50 % genotype ($n = 5,975$), noting the optimal evaluation score. The analyzed traits included body development traits (body depth, rump angle), feet and leg traits (rear leg form, rear leg set angle, hock joint), and udder traits (teat length, teat thickness, rear udder height).

Analysis of genetic value estimation methods

In order to analyse phenotypic evaluation and data registration systems of dairy cattle in various countries, the data from the Interbull database and questionnaires were used. To find out and summarize the data on which phenotypic traits are evaluated, how and when they are evaluated in different countries, a questionnaire was prepared and sent to breeding organizations of the project partners countries involved in the ReDiverse project (2017–2021). This way, the missing information not provided in the Interbull

database was obtained. Questionnaires were received from the Netherlands, Belgium, Lithuania, Latvia and Poland. Based on these questionnaires and the information provided in the international INTERBULL database (<https://interbull.org/index>), a detailed analysis of phenotypic evaluation and data registration systems of dairy cattle was conducted.

Genetic studies

Immunogenetic data analysis

Cattle blood samples were tested at the Laboratory for Genetic Studies of LUHS Institute of Animal Science. The analyzed data were collected during routine parentage verification. The data from the tests were analyzed according to 9 international genetic systems: EAA, EAB, EAC, EAF, EAJ, EAM, EAS, EAZ (EA – erythrocyte antigens), approved by ISAG. A total of 52 alleles were tested. Inter-breed genetic analysis, based on immunogenetic data, was conducted for two populations: the open population of Lithuanian Red cattle (offspring born in 2005–2013; $n = 99$) and the old genotype, which was divided into two subpopulations: the Skaistgirys Agricultural Company population (offspring born in 1996–2007; $n = 61$) and the LUHS Institute of Animal Science population (offspring born in 2010–2022; $n = 32$).

The obtained data were analyzed based on genetically most informative EAB and EAC genetic systems, that compare purebred cattle. The number of alleles, the number of effective alleles, and expected and observed heterozygosity were calculated to determine genetic diversity at the loci. A chi-square (χ^2) test was performed to determine the significance values for Hardy-Weinberg equilibrium (HWE). By calculating allele frequencies, the number of alleles, and expected and observed heterozygosity, the genetic diversity of the populations was assessed, and the reliability of *HWE* was determined. In evaluating the relationships between groups, Nei's genetic distances [96] and *Fst* values [97] were determined, which express the overall proportion of genetic diversity (similarity) among the subjects. Additionally, an individual assignment test to populations was performed according to Paetkau et al. [98].

Single nucleotide polymorphism analysis

Genetic studies were conducted during the international project „Biodiversity within and between European Red dairy breeds – Conservation through utilization“ (ReDiverse). Using extensive single nucleotide polymorphism genotyping data, the internal genetic structure of the Lithuanian Red cattle breed population was characterized in detail, and evolutionary factors were

identified. The data were processed using PLINK v1.09 software, with quality control procedures applied, including SNP filtering. The final dataset comprised 48,708 SNPs.

For genetic evaluation (from hair samples), 300 samples of Lithuanian Red and Lithuanian Red-and-White cattle were examined after collecting them from 4 different farms in Lithuania. The study included 236 samples from the open population of Lithuanian Red cattle (cows born between 2010 and 2020, with mothers of the Lithuanian Red breed and fathers of breeds such as Lithuanian Red, Angler, Danish Red, Swedish Red-and-White, and others), and 10 samples from the old genotype of Lithuanian Red cattle (cows born between 2007 and 2021, with mothers of the old Lithuanian Red genotype and fathers from gene pool bulls, namely, Hamnetas 3429, Apas 3446, Vieversys 3452, Durklas 3477, Ceras 3506, and Demonas 3735). For comparison, 18 samples each were selected from the breeds used to improve Lithuanian Red cattle: Angler (cows born between 2018 and 2021, with mothers of the Angler breed and fathers of breeds such as Angler, Danish Red, and others), Swedish Red-and-White (cows born between 2013 and 2019, with mothers of the Swedish Red-and-White breed and fathers of breeds such as Angler, Danish Red, and others), and Danish Red cattle (cows born between 2012 and 2018, with mothers of the Danish Red breed and fathers of breeds such as Angler, Danish Red, and others). The samples were sent to the certified laboratory „Eurofins Genomics Europe Genotyping“ in Denmark.

Since the use of breeding bulls has a decisive influence on cattle breeding, genetic evaluation from semen samples was also conducted. Ten cryoconserved semen samples from high breeding value bulls of the open population of Lithuanian Red cattle and 8 samples from the old genotype of Lithuanian Red cattle were collected and examined. These samples are stored in the gene bank of the LUHS Institute of Animal Science. Semen samples from bulls of the open population of Lithuanian Red cattle were selected from joint-stock company „Lietuvos veislininkystė“. The samples were sent to the certified laboratory „Christian-Albrechts Universität Kiel, Institut für Tierzucht und Tierhaltung“ in Germany.

Assessment of economic values of functional traits

To assess the economic importance of functional traits, economic values (EV) were determined for three Lithuanian dairy cattle breeds: Lithuanian Red cattle open population (LROP), Lithuanian Red cattle old genotype (LROG), and Lithuanian Black-and-White cattle open population (LBWOP).

The stochastic bio-economic model SimHerd, which simulates the expected monetary gain in dairy herds, was used. The details of the model

are described in Østergaard et al. 2005 [99]; Ettema et al. 2006 [100]; Ettema et al. 2011 [101] and, therefore, this paper presents only a brief outline of the model. The modeling was conducted based on breed-specific phenotypic and economic data. For each trait, two scenarios were simulated with the respective trait at different phenotypic levels: the current performance level of the trait parameters as recorded in the herd was increased by 1 percentage point („high“ scenario) and decreased by 1 percentage point („low“ scenario). To obtain the EVs, the two different scenarios were compared with each other at two levels in terms of their economic outcomes. To avoid double-counting of effects, the economic outcome was corrected using multiple regression analysis with mediator variables [88].

The SimHerd model [99] is widely used in many dairy cattle modeling studies, i.e., for deriving economic values, for setting breeding goals [44, 48] or for investigating the economic consequences of crossbreeding [102]. The SimHerd program models milk yield, feed intake, reproduction and diseases. The simulation was performed in weekly steps. A schematic overview of the stages of the SimHerd model is given in Table 1.

Table 1. Schematic diagram showing stages of the SimHerd model

1.	2.	3.
Lithuanian Black-and-White cattle open population (LBWOP)	Lithuanian Red cattle open population (LROP)	Lithuanian Red cattle old genotype (LROG)
Simherd–mechanistic, dynamic and stochastic dairy herd model Monte Carlo model prediction of the production and states of the herd time		
2 STEPS:		
1. INPUT DATA:	2. OUTPUT DATA:	
Parameter values for relations in the model: <ul style="list-style-type: none"> • Breed calibration with the online version of Sim-Herd (https://simherd.com/en/): the simulation model was calibrated for the breeds, taking into account breed-specific phenotypic data from productivity Annual Reports of Lithuanian Breeds. • The average herd size – 200 cows. • Simulated 40 years. First 10 years were deleted in order to diminish the effect of the actual state of the herd in the first simulation time-step. • Replicated in 1000 simulations runs. • Cows and heifers are described dynamically in weekly steps. 	Technical annual results: <ul style="list-style-type: none"> • Simulated scenarios were studied by applying a set of assumed Lithuanian prices and costs for the corresponding technical results. • Scenarios were simulated to represent dairy herds with „low“ and „high“ levels of the trait. • Performing multiple regression analysis to avoid double counting. • The economic profit (EUR/year) of the simulated dairy herds is estimated mechanically as the difference between the total revenues and total costs [88; 99]. 	

Statistical analysis

Pedigree analysis was performed using the statistical program POPREPORT [65]. This program calculated genetic relationships using the PEDIG Fortran package (Boichard, 2002).

Statistical analysis of cow productivity and exterior traits data was performed using the General Linear Model (GLM) procedure of IBM SPSS Statistics 29.0. Cow genotype and groups according to birth years were included in the GLM model as fixed factors. The statistical reliability of the differences in mean values between the analyzed groups was determined using the Least Significant Difference (LSD) criterion. Differences were considered statistically significant when $p < 0.05$.

The distribution of cows according to their exterior evaluation scores was calculated using the Descriptive Statistics frequency procedure (SPSS 29.0).

Genetic diversity parameters, analyzing immunogenetic data, were calculated using the GENALEX v6.501 [142] and FSTAT v2.93 [106] programs. The population assignment test according to Paetkau et al. was performed using the GENALEX program. The summarized test results were processed using the CIRCOS visualization program [107].

The economic values of functional traits were calculated in two stages: in the first stage, population modeling was performed using the SimHerd program (<https://simherd.com/en/>), and in the second stage, the obtained data were modeled using the Rstudio 3.6.3 and Delphi 10.3 programs.

RESEARCH RESULTS

Cattle pedigree data

As of 2021, the Lithuanian Red and Red-and-White cows constituted 27 % of the dairy cow population in Lithuania, with Lithuanian Red representing the majority of the population at 83.99 %. Following are Ayrshire at 5.34 %, Holstein at 4.12 %, Swedish Red-and-White at 2.73 %, and other dairy breeds at 3.82 %. The old genotype Lithuanian Red cattle, classified as a separate breed in records since 2008, accounted for only 0.04 % of the total number of milking cows in 2021.

In 2018–2019, according to the data provided in the report, there were 21,607 Red and Red-and-White cows in the main herd book section, and 9,734 in the supplementary section. This census was conducted under the Lithuanian Red Cattle Breeding and Improvement Program for 2016–2020, which, based on the European Union Regulation (EU) 2016/1012, ceased to be in effect in 2019. Since a new Lithuanian Red Cattle Breeding and

Improvement Program was not approved, Lithuanian Red cattle began to be recorded in the supplementary herd book section according to the new Red-and-White Holstein cattle breeding program in Lithuania for 2019–2025, approved in 2019, where all Red-and-White Holstein cattle whose mother has at least 75 % Holstein blood are recorded in the main herd book section. Therefore, comparing the period of 2019–2023, the number of cows in the main herd book section decreased by 69 %, while in the supplementary section it increased by 153 %.

The data on the old genotype Lithuanian Red cattle population were separated starting from 2020–2021; until then, information on all four local cattle populations was presented together, without distinguishing by breed. In the 2022–2023 period, there were 10 cows in the main section of the herd book for the old genotype Lithuanian Red cattle breed, and 28 in the supplementary section.

Analysis of predominant bloodlines in the population

According to our study data, it was found that in the open population of Lithuanian Red cattle, cows with Red-and-White Holstein blood predominated, comprising almost 40 % of the entire population. Cows with Holstein blood made up 14.96 %, and those with Swedish Red-and-White blood accounted for 14.73 %. Additionally, 16 % of the population had unknown bloodlines, reflecting challenges in genetic diversity and breed identification.

In the Lithuanian Red cattle population, cows with predominant Red-and-White Holstein blood accounted for 30 % until 2010, and this percentage increased to 48 % during 2011–2022. Comparing both periods, the number of cows with Holstein blood in the Red cattle population increased eight-fold. Meanwhile, the number of cows with Swedish Red-and-White blood halved, and the number of cows with Danish Red cattle blood decreased by 95 %. The number of Swiss breed cows decreased 3.6 times, and the number of Angler breed cows decreased from 6340 to 50 head.

Our data revealed that until 2010, the old genotype of Lithuanian Red cattle was predominantly composed of Lithuanian Red cattle genes (25 %), Angler (22 %), and Danish Red (20 %) cattle genes. After 2011, these proportions respectively increased to 30 %, 25 %, and 25 %. During the restoration work post-2011, the proportion of Lithuanian Red cattle genes increased by 5 %, Angler genes by 3 %, and Danish Red genes by 5 %, while the proportion of unknown origin decreased by 14 %. This indicates a consistent selective breeding effort aimed at preserving this breed. The cattle are not being improved with other breeds, thereby maintaining the original

genes with which the breed was created. This approach helps preserve the breed's internal diversity and uniqueness, ensuring its genetic identity and continuity.

Analysis of population founders

The analysis of cattle pedigree revealed that, during the formation of the Lithuanian Red cattle population, animals without pedigree data were included at certain periods. In the open population of Lithuanian Red cattle during the period from 1946 to 2004, 6 % of the founders had unknown parents, 4 % were founders with only the female's parents known, and 18 % were founders with only the male's parents known. In the period from 2010 to 2020, these figures were 0.001 %, 10 %, and 0.01 %, respectively. The analysis of the founders of the old genotype Lithuanian Red population showed that during the later breed formation period from 1959 to 2004, 12 % of the founders had only the male's parents known.

Population structure

The average pedigree completeness percentage over a ten-year period for the old genotype Lithuanian Red cattle, recorded in the main section of the herdbook, and for the first generation of the open population Lithuanian Red cattle was 100 %, while for the entire population of the old genotype Lithuanian Red cattle it was 96.1 %. The average pedigree completeness for the second and third generations ranged from 91.5 % to 100 %. As expected, the average pedigree completeness in the subsequent generations gradually decreased. The lowest average pedigree completeness in the sixth generation was found in the old genotype Lithuanian Red cattle (69.3 %), slightly higher in the cattle, recorded in the main section of the herdbook (71.4 %), and the highest in the open population Lithuanian Red cattle (78.9 %).

In 2021, the highest average inbreeding coefficient was found in the population of old genotype Lithuanian Red cattle, registered in the main section of the herd book (LROG_MH). The highest annual increase in additive genetic relationship was observed in the LROG_MH population (0.00040), and the lowest (0.00006) in the Lithuanian Red cattle open population (LROP). The greatest change in the average inbreeding coefficient, based on the regression slope, was also observed in the LROG_MH population (0.00046), with the LROP indicator being 0.00027, and the Lithuanian Red cattle old genotype (LROG_MSH) 0.00023.

Changes in cattle population structures

In 2021, the reproductive age of bulls used for insemination of females within these populations ranged from 5.1 to 27.8 years. The maximum average age of males used for reproduction was found in LROG_MH, i.e. as much as two times higher than in LROG_MSH.

The age distribution of cows indicated that younger cows are used in open populations. This suggests that open populations are younger and can be productively utilized, as a higher number of young animals increases the likelihood of obtaining more offspring. The youngest cows and heifers were found in the open LROP and Lithuanian Black-and-White cattle open population (LBWOP), where the average age of cows and heifers was 3.3 and 3.2 years, respectively. In the LROG_MH and Lithuanian Black and White cattle old genotype cattle, registered in the main section of the herd book (LBWOG_MH) populations, the average age was higher, 4.5 and 4.9 years, respectively.

The analysis of the 15 year results in open populations indicated that the generation interval of the male in LROP and LBWOP decreased uniformly by 38 %, while that of the female decreased by 26 and 19 %, respectively. Across the years included in this study, the biggest positive change was found in LROG_MSH and LROG_MH breeds, where the generation interval of the males increased by 13 and 80 %, respectively. The generation interval of the males for Lithuanian Black-and-White cattle old genotype (LBWOG_MSH) and LBWOG_MH breeds from 2005 to 2015 decreased by 50 and 46 %, respectively.

The average inbreeding coefficient (F) in 2021 showed that the estimated inbreeding level (of all animals by year) in LROG_MH was 2.4 % higher than in LROG_MSH, whereas in LBWOG_MH it was 0.91 % higher than in LBWOG_MSH. The estimated inbreeding level in 2021 in LBWOP was 1 % higher than in LROP. The highest inbreeding coefficient was found in LBWOG_MH, slightly lower in LROG_MH and the lowest in LROP and LBWOP. Reviewing the results, we have observed significant differences in the average inbreeding coefficient, when analyzing the number of inbred animals in the old genotype Lithuanian Red cattle population. In the entire population, this coefficient was 2.38 %, while it reached 9.2 % among purebreds. A similar trend was observed in the old genotype Lithuanian Black-and-White cattle population, though the differences were less pronounced. The inbreeding coefficient for the open population of Lithuanian Red was 2.71 %, while for the open population of Black-and-White cattle it was 3.72 %.

In 2021, the effective population size (N_e) for the LROG_MH population, calculated based on the number of parents, was critically low at 42. It was 2.5 times smaller than the N_e for the entire old genotype population. As a result, this population is recognized as critical, with the breed nearing extinction due to reduced genetic diversity. To preserve the breed, it is essential to increase the effective population size (FAO, 2017). The effective population size (N_e) for the open population of Lithuanian Red cattle, calculated based on the number of parents, was 3855.

However, the N_e for the open population of Lithuanian Red cattle, calculated based on the rate of inbreeding, was 1.5 times lower than that of the old genotype, which had an N_e of 103. Comparing the old genotype cattle with the recorded in the main section of the herdbook cattle population revealed that the N_e for purebreds, at 59, was almost 1.7 times lower than that of the old genotype population.

Analysis of phenotypic data

Evaluation of milk productivity indicators. As shown by our analysis, the average milk productivity of Lithuanian Red and Red-and-White cows recorded in the main herd book section was 7751 kg, with 4.36 % fat and 3.36 % protein content. The productivity of cows recorded in the supplementary herd book section was 229 kg higher than in the main section. Our study indicated that the productivity of old genotype Lithuanian Red cattle recorded in the main herd book section, where only purebred animals are registered, is lower than that of the open population. Old genotype LR is 2311 kg lower with 4.19 % fat and 3.49 % protein content. [1].

Our study, after the analysis of the data from the open population of Lithuanian Red cattle, showed that the productivity of cows born before 2010 increased if compared with cows born after 2011. Since 2011, Holstein (HOL) breed cows in both genotypes have exhibited the highest productivity. However, for cows with more than 50 % blood degree of Holstein (HOL), Swedish Red-and-White (SRW), Swiss (SW), and Unknown breeds, no increase in productivity was observed. In fact, their productivity was lower compared to cows from the same period with up to 50 % blood degree of these breeds ($p < 0.001$). This indicates that a higher percentage of these bloodlines may negatively affect milk productivity. Conversely, an increase in the blood degree of Red-and-White Holstein (RWH) and Ayrshire (AI) breeds led to an increase in milk yield.

The analysis of the the productivity of the old genotype Lithuanian Red cattle by genotype showed that cows with ≥ 50 % Angler, Danish Red, and LR genotype produced the same amount of milk per lactation (4571.91 kg),

with 197.46 kg fat and 166.72 kg protein. Meanwhile, LROG cows produced the least amount of milk per lactation – 4258.57 kg, with 183.26 kg fat and 184.66 kg protein.

Analysis of exterior traits. Our research showed that in the open population of Lithuanian Red cattle, Holstein (HOL) cows in the 25–50 % genotype group were the tallest ($139.62 \text{ cm} \pm 0.37$), among those born before 2010. In the subsequent period, their height increased by another 1.12 cm. The shortest cows were Angler (AN) cows ($135.32 \text{ cm} \pm 0.23$) ($p < 0.001$). As the dominant breed blood degree increased ($\geq 50 \%$), the height of Red-and-White Holstein cows increased by 1.19 cm, while the height of Swedish Red-and-White cows decreased by 1.21 cm ($p < 0.001$).

Our study indicated that in the old genotype Lithuanian Red cattle, the height of cows in the 25–50 % genotype group ranged from 130.22 to 131.00 cm. As the blood degree of the analyzed breeds increased, the cow height also increased, ranging from 134.62 to 135.67 cm.

Cows with Swedish Red-and-White blood received the highest heel joint scores (5.54 ± 0.07 and 5.64 ± 0.12), regardless of the dominant blood degree. In the 25–50 % genotype group, about 2 % of cows, mostly HOL, and in the $\geq 50 \%$ genotype group, only 0.25 % of cows received the optimal score of 8.

Holstein cows in the 25–50 % genotype group had the longest teats, with an average score of 4.67 (± 0.03). As the blood degree increased, teat length in the $\geq 50 \%$ genotype group decreased by 2.36 % ($p < 0.05$). In the 25–50 % genotype group, 10 % of cows achieved the optimal score of 6, mostly HOL (48.76 %) and RWH (20.66 %) cows. In the $\geq 50 \%$ genotype group, 7.83 % of cows received the optimal score, mostly RWH (61.11 %) cows.

In the 25–50 % genotype group, the teat thickness of cows was scored 4 (31.53 %) and 5 (31.65 %). The optimal score of 5 was mostly achieved by RWH (31.37 %), HOL (24.05 %), and AI (23.53 %) cows. In the $\geq 50 \%$ genotype group, the largest number of cows (68.31 %) was scored 4 and 5, with 77.19 % being RWH cows.

RWH cows in the 25–50 % genotype group were scored 5.83 ± 0.05 ($p < 0.001$). The score for RWH cows was 0.19 points higher ($p < 0.001$), and for HOL breed cows, it was 0.16 points higher ($p < 0.01$). In the 25–50 % and $\geq 50 \%$ genotype groups, only 4.05 % and 5.56 % of cows respectively, received the optimal score.

Analysis of genetic value estimation methods (BLUP)

Based on the questionnaire data (2019), the most important traits for breeding organizations are productivity, exterior, and udder health (Fig. 1). Other traits, such as longevity and fertility, have different significance

in breeding programs of different countries. Subjectively evaluated traits include calving and workability characteristics. The weight of all traits should have a uniform expression basis, which is difficult to achieve for subjectively evaluated traits. In many breeding programs, the goals are not properly defined. If breeding organizations want to expand their breeding programs to include new traits, their decision will depend on correctly described trait characteristics. Moreover, the results of breeding programs are visible only after many years, so investments in breeding programs are often associated with the measurement and genetic evaluation of traits that can be assessed more quickly.

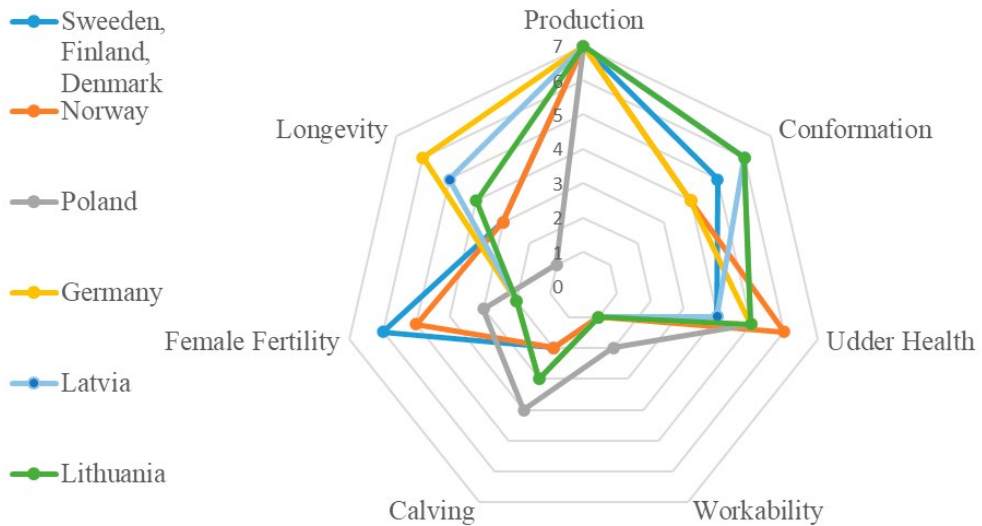


Fig. 1. Assessment of the importance of different phenotypic traits (rated from 0 to 7, where 7 is the highest rating) questionnaire (2019) results.

Genetic evaluation

Immunogenetic data analysis. In the open population, 38 alleles were identified at the EAB locus, and 37 alleles at the EAC locus. In the subpopulation of the Lithuanian University of Health Science (LUHS) Institute of Animal Science, allele diversity at the EAB locus was significantly lower, constituting 24 % of the open population LR, and 54 % at the EAC locus. In the Skaistgirys subpopulation, the number of alleles at the EAB locus constituted 29 % of the open population, and 51 % at the EAC locus.

All analyzed populations exhibited high values of observed heterozygosity (H_o). In the open population at the EAC locus, a high expected heterozygo-

sity (He) value of 0.956 was observed, while the lowest was 0.872 in the LUHS Institute subpopulation. At the EAB locus, the lowest He value of 0.829 was found in the Skaistgirys subpopulation, and the highest was 0.951 in the open population.

The average He and Ho values were highest in the open population, at 0.547 and 0.741, respectively. The lowest heterozygosity value, 0.476, was observed in the LUHS Institute, and the lowest homozygosity value, 0.699, was in the Skaistgirys farm.

The Hardy–Weinberg equilibrium (χ^2) test showed statistically significant differences: in 8 loci in the open population, 4 loci at the subpopulation of the Lithuanian University of Health Science Institute of Animal Science, and 6 loci in the Skaistgirys subpopulation.

Single nucleotide polymorphism analysis. The study aimed to determine the genetic similarities between the open and old genotype Lithuanian Red cattle populations and other European Red cattle breeds. To achieve this, Principal Component Analysis (PCA) was used. The study results revealed that a portion of the open population of Lithuanian Red cattle is dispersed among various breeds, while another portion groups together with the Northern European Red cattle breeds. The old genotype Lithuanian Red cattle, along with the old genotype Angler cattle, are positioned closer to the Swiss breed group. This is associated with the breed formation process, which initially involved Danish Red, Angler, Swiss, and other breeds. The distinct grouping of the current open population of Lithuanian Red cattle with the Northern European breeds demonstrates a clear selection direction by the Lithuanian Red Cattle Breeders' Association, aiming at the use of common Northern European Red cattle. Analyzing the distribution of Red cattle breeds by clusters, we found that the open population of Lithuanian Red cattle falls into one cluster together with Swedish, Finnish, and Norwegian Red cattle. The old genotype Lithuanian Red cattle are grouped with the old Danish Red and old Angler breeds, as well as neighboring Polish Red cattle.

Analysis of simulated economic values

The economic values (EV) were expressed in Euro per marginal change in the unit of the trait and cow-year for the three cattle breeds in Lithuania (Table 2).

Table 2. Marginal economic values (in Euro per change in trait unit and cow-year)

Trait Complex	Trait, unit	Marginal EV		
		LROP	LROG	LBWOP
Production	ECM, kg	0.16	0.21	0.16
Direct health	Mastitis, % point	-1.73	-1.64	-1.82
	Lameness, % point	-1.22	-1.07	-1.27
	Ketosis, % point	-1.13	-1.01	-1.30
	Milk fever, % point	-1.26	-1.14	-1.26
	Metritis, % point	-0.95	-0.98	-1.00
Calving	Dystocia, % point	-1.23	-1.32	-1.31
	Stillbirth, % point	-1.87	-1.76	-2.19
Calf survival	Early calf mortality, % point	-1.14	-1.30	-1.70
	Late calf mortality, % point	-3.49	-2.63	-3.51
Cow survival	Cow mortality, % point	-11.44	-9.18	-10.77
Fertility	CR heifers, % point	1.04	0.71	0.81
	CR cows, % point	1.95	1.96	3.82
	HO heifers, % point	0.59	0.51	0.37
	HO cows, % point	1.63	1.75	2.74

LROP – Lithuanian Red open populaton, LROG – Lithuanian Red old genotype, LBWOP – Lithuanina Black-and-White open population.

The EVs of energy corrected milk (ECM) was 0.16 EUR/kg for LBW and LR, and EUR 0.21/kg for LROG. The higher EV for LROG is caused by a lower feed intake and a lower milk yield, compared with LROP and LBWOP, as it was assumed that a larger proportion of concentrated feed was needed to ensure increased milk yield.

The EVs of disease traits are expressed as economic consequences per cow-year due to an increase in mean disease incidence rate by one percent. If the EV is multiplied by 100, it expresses a total cost per case of the respective disease. The EVs of all health traits were highest for LBWOP, slightly lower for LROP and lowest for LROG on the marginal scale. The highest EVs were found for mastitis in all three breeds.

Comparing the open population of Lithuanian Red cattle (LROP) and the old genotype Lithuanian Red cattle population (LROG), it was found that the economic values of health traits were lower in LROG, except in the case of metritis. The highest economic value (EV) was found for mastitis in all three breeds.

The results indicated the total costs of EUR 164 to 182 per case of mastitis, including direct costs, such as veterinary treatment, financial losses due to

withdrawal of milk and additional labor costs. The present study revealed the total economic costs of EUR 107 to 127 per case of lameness. The EVs for direct health traits were found for ketosis (EUR 101 to EUR 130 per case), milk fever (EUR 114 to EUR 126 per case) and metritis (EUR 95 to EUR 100 per case). The EVs of direct health traits were affected by the differences in milk yield, for example, a lower milk yield performance of the LROG breed leads to lower economic values because of fewer economic losses associated with withdrawal of milk.

The highest economic values of dystocia were estimated for LROG (EUR -1.32), slightly lower for LBW (EUR -1.31) and LR (EUR -1.23). In order to avoid double counting, in the regression analysis dystocia was corrected by the mortality data of cows and calves. Dystocia involves direct expenses, such as veterinary treatment and additional labor force, and also economic impact due to herd information effect. LBWOP showed the highest stillbirth EV (in EUR per change in trait unit and cow-year), which was EUR -2.19, a slightly lower EV was found in LR (EUR -1.87) and LROG (EUR -1.76).

The highest EV for early calf mortality was estimated in LBW (EUR -1.70), whereas lower EVs in LROG (EUR -1.30) and LROP (EUR -1.14). The economic values for late calf mortality were similar (from EUR -3.49 to EUR -3.51) in LBWOP and LROP, whereas that for LROG was EUR -2.63. The highest economic loss between the breeds for cow mortality was estimated in LROG (EUR -918), LR (EUR -1144) and LBW (EUR -1077).

CONCLUSIONS

1. The analysis of the Lithuanian Red cattle origin showed that in the open population, until 2010, Red-and-White Holstein cattle dominated, comprising 30 %, followed by 23 % Swedish Red-and-White, 14 % Ayrshire. Moreover, after 2011, the proportion of Red-and-White holstein cattle increased to 48 %, that of Holsteins to 24 %, while the proportion of Swedish Red-and-White decreased to 8 %. The population of old genotype Lithuanian Red cattle remained stable, consisting of 30 % Lithuanian Red, 25 % Angler, and 25 % Danish Red genotype cattle, while the portion of unknown genotype decreased to 9 %.
2. Our research showed that during the period of 1983–1995, Lithuanian Red cattle with fully known ancestry in the first generation accounted for less than 47 %. The lowest percentage was recorded in 1988, with only 27.8 % and 46.2 % in the open and old genotype populations, respectively.

3. The analysis of the effective population size indicated that the genetic diversity of both populations has declined during the period of 2005–2021. The efficiency indicator of the old genotype Lithuanian Red cattle population, based on the number of parents, decreased to a critical condition ($N_e = 42$), while the open autonomous population decreased to $N_e = 3855$. The N_e of the old genotype Lithuanian Red, according to the inbreeding coefficient, was only 13 % lower than that of the open population cattle, and the average inbreeding coefficient increased by 57 %. Meanwhile, the average inbreeding coefficient of the open population decreased by 29 %, and the number of animals born from related mating increased.
4. Immunogenetic studies showed that the open Lithuanian Red population demonstrates greater genetic diversity – the average number of alleles is 10.3, while in the old genotype Lithuanian Red population, it is half as much (5.1). The expected heterozygosity is 0.547 and 0.476, respectively.
5. Principal component and cluster analysis of single nucleotide polymorphisms showed that the open Lithuanian Red population has similarities with the Nordic Red cattle breeds, including Swedish, Finnish, and Norwegian Red cattle. The old genotype Lithuanian Red cattle have more similarities with the old Danish Red and Angler breeds as well as Polish Red cattle.
6. The intrabreed productivity analysis of the open Lithuanian Red population cows showed that cows belonging to the HOL genotype group had the highest average milk yield per lactation. However, when the HOL blood percentage exceeded 50 %, milk yield decreased ($p < 0.001$), while for RWH breed cows, it increased ($p < 0.001$). A similar trend was observed when analyzing milk protein and fat content. The average milk productivity of the old genotype cows was 30 % lower than that of the open population, but their milk had 0,13 % higher protein content.
7. Phenotypic studies showed that in the old genotype Lithuanian Red population the overall body development traits improved, with increasing blood percentage. After 2011, in the open population of Lithuanian Red cows, the general body development evaluation showed improvements in cow height and rump angle, but a decline in body depth. The tallest cows were those of the HOL genotype (average height 146 cm), while the old genotype cows were 11 cm shorter. The analysis of the feet and leg and udder traits of both populations showed that these traits were

rated lower than optimal scores, except for the rump angle, rear leg angle, and teat thickness of the open population cattle.

8. The analysis of the economic values by using a simulation model revealed that the economic value of one kilogram milk in the open Lithuanian Red cattle population was 31 % lower than that of the old genotype cattle due to lower feed costs. Lower negative economic values for health traits, except for metritis, were found in the old genotype Lithuanian Red cattle population. The study also indicated that the highest negative economic value in both populations was attributed to mastitis (–1.73 % in the open population, –1.64 % in the old genotype population), while positive economic values were identified for fertility traits, with the highest positive economic value observed for the conception rate (1.96 %). The largest negative economic values were calculated for cow mortality cases, which amounted –9.18 and –11.44 % in the old genotype and open population, respectively.

RECOMMENDATIONS

1. We recommend maintaining separate breeding programs for both the open and the old genotype Lithuanian Red cattle populations in order to preserve genetic diversity and address the specific needs of each population. Special attention should be given to the restoration of the old genotype Lithuanian Red cattle population, with the aim of increasing the effective population size, reducing inbreeding coefficients, and ensuring generational turnover, thereby contributing to the conservation of genetic resources.
2. Based on the analysis of cattle phenotypic evaluation and the evaluation practices applied in other European countries, we would suggest to place greater emphasis on improving the functional traits of cattle when developing breeding programs, particularly focusing on animal health and longevity.
3. We propose to expand the genetic evaluation model in the Lithuanian Red cattle breeding program by incorporating the most important functional traits.

LITERATŪROS SĄRAŠAS

1. Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2020–2021. Vilnius, Lithuania: 2022. Available from: <https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/Lietuvos-Respublikos-Zemes-ukio-ministerija-Apyskaita2021-84.pdf>
2. Petrakova L, Kerzienė S, Razmaitė V. Žinomos ir nežinomos kilmės Lietuvos žалуju karvių produktyviosios savybės. *Gyvulininkystė. Mokslo darbai*. 2011;57:3-17.
3. The state of food and agriculture. Food and agriculture organization of the united nations. Rome, 2007. Available from: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/2e8b37ef-bdbf-4299-a6f5-d14213f925aa/content>
4. Taberlet P, Coissac E, Pansu J, Pompanon F. Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *C R Biol*. 2011;334(3):247-54. doi: 10.1016/j.crv.2010.12.007.
5. Alderson L. The categorisation of types and breeds of cattle in Europe. *Archivos de zootecnia*. 1992;41(154). ISSN 0004-0592.
6. Vidu L, Baraitareanu S. Emergence of Regional Dairy Breeds. *New Advances in the Dairy Industry*. 2021. doi: 10.5772/intechopen.101219. Available from: <https://www.intechopen.com/chapters/79352>
7. Kantanen J, Olsaker I, Holm LE, Lien S, Vilkki J, Brusgaard K, et al. Genetic diversity and population structure of 20 north European cattle breeds. *J Hered*. 2000;91:446-57.
8. Scherf B, Pilling D. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome, Italy: FAO; 2015. Accessed 16 September, 2021. Available from: <https://www.fao.org/documents/card/fr/c/fea3da3d-d6ed-4a27-8f58-2d83222b29d9/>
9. Ajmone-Marsan P, Boettcher PJ, Ginja C, Kantanen J, Lenstra JA. Genomic characterization of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines No. 32*. Rome, Italy: FAO; 2023. doi: 10.4060/cc3079en
10. Velea C, Marginean G. *Cattle Breeding Treaty*. Cluj-Napoca: Risoprint Publishing House; 2010;300-20.
11. Hiemstra SJ, de Haas Y, Mäki-Tanila A, Gandini G. Local cattle breeds in Europe: development of policies and strategies for self-sustaining breeds. Wageningen: Wageningen Academic Publishers; 2010. Available from: <https://www.fao.org/publications/sowangr/en/>
12. Marjanovic J, Hulsegge B, Schurink A, Calus MPL. Improving genomic prediction in numerically small Red cattle population. *Book of Abstracts of the 69th Annual Meeting of the European Federation of Animal Science*. 2018;24. Available from: <https://brill.com/edcollchap/book/9789086868711/BP000001.xml>
13. Schmidtmann C, Slagboom M, Sørensen AC, Hinrichs D, Thaller G, Kargo M. Short- and long-term consequences of collaboration between Northern European Red dairy and dual-purpose cattle. *J Anim Breed Genet*. 2022;139(4):1-15.
14. Petraitis J. Lietuvos žalieji galvijai. Vilnius: Valstybinė politinės ir mokslinės literatūros leidykla; 1963.
15. Banys A, Strazdas A. Lietuvos žaluju galvijų linijos ir giminingos grupės. Vilnius: Mintis; 1964.
16. Lietuvos žaluju galvijų gerintojų asociacija. Žalieji ir žalmargiai galvijai. Šiauliai; 2016.
17. Lietuvos žaluju galvijų gerintojų asociacija. Lietuvos žaluju galvijų selekcijos mokslinė programa 1997–2005 metams. Vilnius; 1997.
18. Lietuvos žaluju veislės galvijų valstybinė kilmės knyga XXIII (XXVII). Vilnius: Lietuvos TSR Žemės ūkio ministerija; 1981.
19. Razmaitė V, Šveistienė R, Macijauskienė V, Zapasnikienė B, Janušonis S, Juodka R, ir kt. Lietuvoje veisiamų gyvūnų veislės. Vilnius: Lietuvos Respublikos žemės ūkio

- ministerija, Valstybinė gyvulių veislininkystės priežiūros tarnyba prie Žemės ūkio ministerijos, LVA Gyvulininkystės institutas; 2007.
20. Lietuvos vietinių ūkinių gyvūnų paveldas. Kaunas: UAB AZ spaustuvė; 2011.
 21. Kajokienė L. Genetinių veiksnių įtakos leukozės paplitimui Lietuvos pieninių galvijų populiacijose tyrimai. Dissertation. Kaunas: Lietuvos Sveikatos Mokslų universitetas; 2012.
 22. Lietuvos žalųjų galvijų gerintojų asociacija. Senojo genotipo Lietuvos žalųjų galvijų veisimo programa 2019–2030 metams. Šiauliai; 2019.
 23. Banys A. Lietuvos žalųjų ir žalmargių galvijų populiacijos formavimas panaudojant Europos galvijų veislių genetinį potencialą. Šiauliai; 2004.
 24. Kontroliuojamų gyvulių bandų produktyvumo 2003-2004 metų Apykaita. Nr. 67. Vilnius: 2005.
 25. Oberauskas D, Juozaitienė V, Darbutas J, Lavrinovičius J, Čiukauskas V. Veislės įtaka karvių reprodukciniams savybėms Lietuvos žalųjų ir žalmargių galvijų populiacijoje. Veterinarija ir Zootechnika. 2004;26(48):40-5. Available from: <https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2004/26/pdf/oberauskas.pdf>
 26. Šveistienė R. Lietuvos ūkinių gyvūnų nacionaliniai gėtiniai išteklių. LVA Gyvulininkystės institutas Lietuvos ūkinių gyvūnų genetinių išteklių apsaugos koordinavimo centras. 2009.
 27. Biologinės įvairovės konvencijos Nagojos protokolas dėl galimybės naudotis genetiniais išteklių ir sąžiningo bei teisingo naudoti, gaunamos juos naudojant, pasidalijimo. 2014. Available from: [https://eur-lex.europa.eu/legal-content/LT/TXT/PDF/?uri=CELEX:22014A0520\(01\)&from=LV](https://eur-lex.europa.eu/legal-content/LT/TXT/PDF/?uri=CELEX:22014A0520(01)&from=LV)
 28. Kontroliuojamų karvių bandų produktyvumo 2007-2008 metų (2007 10 01-2008 09 30) apyskaita 71. Vilnius. 2009.
 29. Marašinskienė Š, Šveistienė R, Kosinska-Selbi B, Schmidtmann Ch, Ettema JF, Juškienė V, Kargo M. Application of a Bio-Economic Model to Demonstrate the Importance of Health Traits in Herd Management of Lithuanian Dairy Breeds. *Animals*. 2022;12:1926.
 30. Lietuvos žalųjų galvijų gerintojų asociacija. Žalieji ir žalmargiai galvijai. Šiauliai; 2018.
 31. Galvijų genetinio vertinimo pagal eksterjero požymius metodika. 2012. Available from: <https://www.vic.lt/genetinis-vertinimas/wp-content/uploads/sites/8/2019/07/pagal-eksterjero-po-%C5%BEymius.pdf>
 32. Reig M, Vecino X, Cortina JL. Use of Membrane Technologies in Dairy Industry: An Overview. *Foods*. 2021;10:2768.
 33. SE Agricultural Information & Rural Business Centre. Lithuanian Agriculture Facts and Figures, Semiannual Statistical Report. 2022;1. Available from: [file:///C:/Users/Admin/Downloads/Faktaiproc.20irproc.20skaiciai_2022proc.20m.proc.20Nr.proc.201proc.20\(29\)_INTERNETUIproc.20\(2\).pdf](file:///C:/Users/Admin/Downloads/Faktaiproc.20irproc.20skaiciai_2022proc.20m.proc.20Nr.proc.201proc.20(29)_INTERNETUIproc.20(2).pdf)
 34. Gaidžiūnienė N, Meškauskienė S. Pieninių galvijų selekcija. 2007.
 35. Juškienė V, Tarvydas V, Uchockis V, Nainienė R, Zapasnikiene B, Juška R. Gyvulininkystės žinybas. LVA Gyvulininkystės institutas. 2007.
 36. Darbutas J. Anglerų veislės įtaka Lietuvos žalųjų F1 ir F2 telyčių vystymuisi bei karvių eksterjerui, produktyvumui ir vaisio rodikliams skirtingo produktyvumo lygio bandose. *Gyvulininkystė. Mosklo darbai*. 2000;37:3-17.
 37. Lavrinovič J, Juozaitienė V, Kutra J, Japertienė R, Kanapeckas A. Karvių ūkinio naudojimo trukmės ir eksterjero požymių fenotipinių korelacijų tyrimai. *Gyvulininkystė: Mokslo darbai*. 2008;52:30-8. Available from: https://gi.lsmuni.lt/pages/darbai/2008_52/30_38_Lavrinovic.pdf

38. Čiurlys K, Darbutas J, Gaidžiūnienė N, Strolys K. Lietuvos Juodmargių ir Lietuvos žaliųjų galvijų selekcija. Mokslinių straipsnių rinkinys Nr. 71. Akademija: Lietuvos Žemės ūkio konsultavimo tarnyba. 1998. p. 5-7.
39. Nyman S, Johansson AM, Palucci V, Schönherz AA, Guldbrandtsen B, Hinrichs D, et al. Inbreeding and pedigree analysis of the European red dairy cattle. *Genet Sel Evol.* 2022;54(70). doi: 10.1186/s12711-022-00761-3.
40. Medugorac I, Medugorac A, Russ I, Veit-Kensch CE, Taberlet P, Luntz B, et al. Genetic diversity of European cattle breeds highlights the conservation value of traditional unselected breeds with high effective population size. *Mol Ecol.* 2009;18:3394-410.
41. Wellmann R, Bennewitz J. Key genetic parameters for population management. *Front Genet.* 2019;10:667.
42. Sørensen LP, Kargo M, Nielsen US, Fikse F, Eriksson J-A, Pösö J. Review of Nordic Total Merit Index Full Report. 2018. Available from: <https://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2018/11/2018.11.06-NTM-2018-report-Full.pdf>
43. Sveberg G, Rogers GW, Cooper J, Refsdal AO, Erhard HW, Kommisrud E, et al. Comparison of Holstein-Friesian and Norwegian Red dairy cattle for estrus length and estrous signs. *J Dairy Sci.* 2015;98:2450-61. doi: 10.3168/jds.2014-8905.
44. Schmidtman C, Thaller G, Kargo M, Hinrichs D, Ettema J. Derivation of economic values for German dairy breeds by means of a bio-economic model—with special emphasis on functional traits. *J Dairy Sci.* 2021;104:3144-57. doi: 10.3168/jds.2019-17635.
45. Slagboom M, Milkevych V, Liu H, Thomasen JR, Kargo M, Schmidtman C. Conservation of local Red cattle breeds by collaboration with a mainstream Red dairy cattle breed. *Livestock Science.* 2022;255. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104936.
46. Biscarini F, Nicolazzi EL, Stella A, Boettcher PJ, Gandini G. Challenges and opportunities in genetic improvement of local livestock breeds. *Front Genet.* 2015;6:33.
47. Nyman S, Malm SE, Gustafsson H, Berglund B. A longitudinal study of oestrous characteristics and conception in tie-stalled and loose-housed Swedish dairy cows. *Acta Agric Scand A Anim Sci.* 2016;66:135-44.
48. Kosińska-Selbi B, Schmidtman Ch, Ettema JF, Szyda J, Kargo M. Breeding goals for conservation and active Polish dairy cattle breeds derived with a bio-economic model. *Livestock Science.* 2022;255:1-8. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104809.
49. Juškiene V, Šveistiene R, Marašinskiene Š, Nyman S. Phenotypic recording of dairy cattle. *Interbull.* 2021. Available from: https://interbull.org/static/web/Rediverse_countries_report_phenotypic_information.pdf
50. Jarnecka O, Bauer EA, Jagusiak W. Pedigree analysis in the Polish Red cattle population. *Animal.* 2021;15(6):10023. doi: 10.1016/j.animal.2021.100238.
51. Mkanjuola BM, Miglior F, Abdalla EA, Maltecca Ch, Schenkel FS, Baes ChF. Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations. *J Dairy Sci.* 2020;103:5183-99. doi: 10.3168/jds.2019-18013.
52. Wang J, Santiago E, Caballero A. Prediction and estimation of effective population size. *Heredity.* 2016;117:193-206. doi: 10.1038/hdy.2016.43.
53. Wright S. Evolution in Mendelian populations. *Genetics.* 1931;16:97-159. doi: 10.1093/genetics/16.2.97.
54. Kimura M, Crow JF. The Number of Alleles That Can Be Maintained in a Finite Population. *Genetics.* 1964;49:725-38.
55. Crow JF, Denniston C. Inbreeding and variance effective population numbers. *Evolution.* 1988;42(3):482-95. doi: 10.1111/j.1558-5646.1988.tb04154.x.
56. Caballero A. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity.* 1994;73:657-79.

57. Wang J, Caballero A. Developments in predicting the effective size of subdivided populations. *Heredity*. 1999;82:212-26.
58. Nomura T. Developments in prediction theories of the effective size of populations under selection. *Animal Science Journal*. 2005;76(2):87-185. doi: 10.1111/j.1740-0929.2005.00242.x.
59. Wang J. Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2005;360:1395-409.
60. Flury C, Tapio M, Sonstegard T, Droegemueller C, Leeb T, Simianer H, et al. Effective population size of an indigenous Swiss cattle breed estimated from linkage disequilibrium. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2010;127:1-9.
61. Hamann H, Distl O. Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *J Anim Sci*. 2008;86:1503-13.
62. Falconer DS, Mackay TFC. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Harlow, UK: Longman Scientific and Technical; 1996.
63. Cervantes I, Gutierrez JP, Molina A, Goyache F, Valera M. Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *J Anim Breed Genet*. 2009;126(5):333-412. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00797.x.
64. The State of food and agriculture. World and regional reviews Marine fisheries and the law of the sea: a decade of change. FAO Agriculture Series No. 25. The State of Food and Agriculture. 1992. Available from: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/5a2f148a-9c72-4e31-9d80-161b70a1dc63/content>
65. Groeneveld E, Van der Westhuizen B, Maiwashe A, Voordewind F, Ferraz JBS. POPREP: A generic report for population management. *Genet Mol Res*. 2009;8:1158-78. Available from: https://www.researchgate.net/profile/Norman-Maiwashe/publication/38044970_POPREP_A_generic_report_for_population_management/links/565c035208aefe619b25183c/POPREP_A_generic_report_for_population_management.pdf
66. Gutiérrez-Reinoso MA, Aponte PM, García-Herreros M. A review of inbreeding depression in dairy cattle: current status, emerging control strategies, and future prospects. *J Dairy Res*. 2022;28:1-10. doi: 10.1017/S0022029922000188.
67. Stachowicz K, Sargolzaei M, Miglior F, Schenkel FS. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J Dairy Sci*. 2011;94:5160-75. doi: 10.3168/jds.2010-3308
68. Sørensen AC, Sørensen MK, Berg P. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *J Dairy Sci*. 2005;88:1865-72. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(05)72861-7.
69. Sonesson AK, Meuwissen THE. Minimization of rate of inbreeding for small populations with overlapping generations. *Genet Res*. 2001;77:285-92. Available from: <https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/A7DF3B134973BF5C210BAEBBDD285590/S0016672301005079a.pdf/div-class-title-minimization-of-rate-of-inbreeding-for-small-populations-with-overlapping-generations-div.pdf>
70. Drobik W, Martyniuk E. Practical aspects of genetic management of small populations – The Olkuska sheep example. *Acta Agriculturae Scandinavica*. 2014;64:36-48. doi: 10.1080/09064702.2014.959554.
71. Mastrangelo S, Tolone M, Gerlando RDi, Fontanesi L, Sardina MT, Portolano B. Genomic inbreeding estimation in small populations: Evaluation of runs of homozygosity in three local dairy cattle breeds. *Anim Consort*. 2016;10:746-54.
72. Qanbari S, Gianola D, Hayes B, Schenkel F, Miller S, Moore S, et al. Application of site and haplotype-frequency based approaches for detecting selection signatures in cattle. *BMC Genomics*. 2011;12(1):318. doi: 10.1186/1471-2164-12-318.

73. Hayes BJ, Lewin HA, Goddard ME. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends Genet.* 2013;29(4):206-14.
74. Liu Y, Qin X, Song X-ZH, Jiang H, Shen Y, Durbin KJ, et al. Bos taurus genome assembly. *BMC Genomics.* 2009;10:180. doi: 10.1186/1471-2164-10-180.
75. Burt DW. The cattle genome reveals its secrets. *J Biol.* 2009;8:36.
76. Morkūnienė K. Genominis galvijų pieninių ir sveikatingumo savybių gerinimas. Dissertation. Kaunas: Lietuvos Sveikatos Mokslų Universitetas; 2018. Accessed 21 June 2022. Available from: <https://portalcris.lsmuni.lt/server/api/core/bitstreams/0e80db34-3721-4ee0-a3ea-48eda86d0b15/content>
77. Anskienė L. Gerinančiųjų veislių panaudojimo atviroje Lietuvos juodmargių galvijų populiacijoje tyrimas. Dissertation. Kaunas: Lietuvos Sveikatos Mokslų Universitetas; 2019. Accessed 15 February 2023.
78. Stock J, Esfandyari H, Wellmann R, Hinrichs D, Bennewitz J. Genomic rotational crossbreeding with advanced optimum contribution selection methods applied to simulated German Angler and German Holstein dairy cattle populations. *J Anim Breed Genet.* 2023;140(2):121-31. doi: 10.1111/jbg.12750.
79. Szmatoła T. Diversifying selection signatures among divergently selected subpopulations of Polish Red cattle. *J Appl Genet.* 2019. doi: 10.1007/s13353-019-00484-0.
80. Eriksson S, Strandberg E, Johansson AM. Changes in genomic inbreeding and diversity over half a century in Swedish Red and Swedish Holstein dairy cattle. *J Anim Breed Genet.* 2023;140(3):295-303. doi: 10.1111/jbg.12758.
81. Rauw WM, Kanis E, Noordhuizen-Stassen EN, Grommers FJ. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. *Livest Prod Sci.* 1998;56:15-33.
82. Windig JJ, Calus MPL, Beerda B, Veerkamp RF. Genetic Correlations Between Milk Production and Health and Fertility Depending on Herd Environment. *J. Dairy Sci.* 2006;89:1765–1775. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72245-7.
83. Nielsen HM, Groen AF, Østergaard S, Berg P. A stochastic model for the derivation of economic values and their standard deviations for production and functional traits in dairy cattle. *Acta Agric Scand A Anim Sci.* 2006;56:16-32. doi: 10.1080/09064700600836786.
84. Pfeiffer Ch, Fuerst-Waltl B, Schwarzenbacher H, Steininger F, Fuerst Ch. A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation. *Genet Sel Evol.* 2015;47:36. doi: 10.1186/s12711-015-0118-4.
85. Kargo M, Hjortø L, Toivonen M, Eriksson JA, Aamand GP, Pedersen J. Economic basis for the Nordic Total Merit Index. *J Dairy Sci.* 2014;97:7879-88. doi: 10.3168/jds.2013-7694.
86. Urbšienė D, Urbšys A. Automatizuotas melžimo sistemos bei elektroninius pieno matuoklius naudojančių ūkių kontroliuojamų karvių produkcijos apskaitos optimizavimas. Galutinė ataskaita. LSMU Gyvulininkystės institutas; 2014. Available from: https://zum.lrv.lt/uploads/zum/documents/files/LT_versija/Veiklos_sritys/Mokslas_mokymas_ir_konsultavimas/Moksliniu_tyrimu_ir_taikomosios_veiklos_darbu_galutines_ataskaitos/4darbas2014.pdf
87. Brito LF, Bedere N, Douhard F, Oliveira HR, Arnal M, Peñagaricano F, et al. Review: Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal.* 2021;15(1):100292. doi: 10.1016/j.animal.2021.100292.
88. Østergaard S, Ettema JF, Hjortø L, Pedersen J, Lassen J, Kargo M. Avoiding double counting when deriving economic values through stochastic dairy herd simulation. *Livest Sci.* 2016;187:114-24. doi: 10.1016/j.livsci.2016.03.004.

89. Wolfová M, Wolf J. Strategies for defining traits when calculating economic values for livestock breeding: a review. *Animal*. 2013;7(9):1401-13. doi: 10.1017/S1751731113001018.
90. Juozaitiene V, Juozaitis A, Kardisauskas A, Zymantiene J, Zilaitis V, Antanaitis R, ir kt. Relationship between dystocia and the lactation number, stillbirth and mastitis prevalence in dairy cows. *Acta Vet Brno*. 2017;86(4):345-52. doi: 10.2754/avb201786040345.
91. Enting H, Kooij D, Dijkhuizen AA, Huirne RBM, Noordhuizen-Stassen EN. Economic losses due to clinical lameness in dairy cattle. *Livest Prod Sci*. 1997;49(3):259-67. doi: 10.1016/S0301-6226(97)00051-1.
92. MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfennig DW, Parsons CJ. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J Hered*. 1983;74:394-99. doi: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a109824.
93. Rehfeld CE, Bacus JW, Pagels JA, Dipert MH. Computer Calculation of Wright's Inbreeding Coefficient. *J Hered*. 1967;58:81-4.
94. Wright S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. *J Hered*. 1923;14:339-48.
95. Lietuvos žaliųjų galvijų gerintojų asociacija. Žalieji ir žalmargiai galvijai. Šiauliai; 2015.
96. Nei M. Genetic Distance between Populations. *Am Nat*. 1972;106(949):283-92.
97. Weir BS, Cockerham CC. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*. 1984;38(6):1358-70.
98. Paetkau D, Slade R, Burden M, Estoup A. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol Ecol*. 2004;13(1):55-65.
99. Østergaard S, Chagunda MGG, Friggens NC, Bennedsgaard TW, Klaas IC. A stochastic model simulating pathogen-specific mastitis control in a dairy herd. *J Dairy Sci*. 2005;88:4243-57. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(05)73111-8.
100. Ettema JF, Østergaard S. Economic decision making on prevention and control of clinical lameness in Danish dairy herds. *Livest Sci*. 2006;102:92-106. doi: 10.1016/j.livprodsci.2005.11.021.
101. Ettema JF, Østergaard S, Sørensen MK. Effect of including genetic progress in milk yield on evaluating the use of sexed semen and other reproduction strategies in a dairy herd. *Animal*. 2011;5:1887-97. doi: 10.1017/S175173111100108X.
102. Clasen JB, Kargo M, Fikse WF, Strandberg E, Wallenbeck A, Østergaard S, et al. Conservation of a native dairy cattle breed through terminal crossbreeding with commercial dairy breeds. *Acta Agric Scand A Anim Sci*. 2021;70:1-12. doi: 10.1080/09064702.2020.1867632.
103. Antanaitis R, Žilaitis V, Kučinskas A, Juozaitienė V, Leonauskaitė K. Changes in cow activity, milk yield, and milk conductivity before clinical diagnosis of ketosis, and acidosis. *Vet Med Zoot*. 2015;70:1392-2130. Available from: <https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2015/70/pdf/antanaitis.pdf>
104. Agricultural Information and Rural Business Centre. Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2016–2017, No 80. Ministry of Agriculture of the Republic of Lithuania. Vilnius; 2017.
105. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537–9.
106. FSTAT, a Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices, Version 2.9.3 - ScienceOpen. Available at: <https://www.scienceopen.com/document?vid=79097bb4-ec3c-47c3-94a1-47085d721e6b>.

107. Krzywinski M, Schein J, Birol I, Connors J, Gascoyne R, Horsman D, Jones SJ, Marra MA. Circos: an information aesthetic for comparative genomics. *Genome Res.* 2009;19(9):1639-45.
108. Kontroliuojamųjų karvių bandų produktyvumo 2013 – 2014 metų, apyskaita Nr. 77. Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2015 Available from: https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/Apyskaita-Nr_-77.pdf
109. Kontroliuojamųjų karvių bandų produktyvumo 2015 – 2016 metų, Nr. 79. apyskaita Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2015 Available from: https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/Apyskaita-Nr_-79.pdf
110. Tiriamųjų pieninių veislių gyvūnų bandų produktyvumo 2018-2019 metų, apyskaita Nr. 82. Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2020. Available from: <https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/APYSKAITA-82.pdf>
111. Tiriamųjų pieninių veislių gyvūnų bandų produktyvumo 2019-2020 metų, apyskaita Nr. 83. Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2021. Available from: <https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/Apyskaita83-20210211-1.pdf>
112. Tiriamųjų pieninių veislių gyvūnų bandų produktyvumo 2021-2022 metų, apyskaita Nr. 85. Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2022. Available from: <https://zudc.lt/wp-content/uploads/2023/09/Apyskaita-Nr-85.pdf>
113. Tiriamųjų pieninių veislių gyvūnų bandų produktyvumo 2022-2023 metų, apyskaita Nr. 86. Lietuvos Respublikos Žemės ūkio ministerija. Vilnius; 2023. Available from: https://zudc.lt/wp-content/uploads/2024/03/Apyskaita2023_20240214.pdf
114. Jonkus D, Paura L, Cielava L. Longevity and milk production efficiency of Latvian local breeds during last decades. *Agron Res.* 2020;18(S2):1316-22.
115. Porter V, Alderson L, Hall SJG, Sponenberg DP. *Mason's World Encyclopedia of Livestock Breeds and Breeding.* 2nd ed. Wallingford, UK: CABI; 2016.
116. Korzekwa AJ, Siemieniuch M, Kaczmarczyk J, Kordan W. Prospects for traditional livestock breeding of Polish Red cattle with the agreement of biodiversity protection. *Pol J Natur Sc.* 2023;38(1):5-18.
117. Cielava L, Petovska S, Jonkus D, Paura L. The effect of different bloodiness level on Latvian Brown cow productivity. In: *Proceedings of the 7th International Scientific Conference Rural Development 2015.* 2015.
118. Pipino DF, Piccardi M, Lopez-Villalobos N, Hickson RE, Vázquez MI. Fertility and survival of Swedish Red and White × Holstein crossbred cows and purebred Holstein cows. *J Dairy Sci.* 2023;106(4):2475-85. doi: 10.3168/jds.2022-22403.
119. Lee HJ, Kim J, Lee T, Son JK, Yoon HB, Baek KS, et al. Deciphering the Genetic Blueprint behind Holstein Milk Proteins and Production. *Genome Biol Evol.* 2014;6(6):1366-74. doi: 10.1093/gbe/evu102.
120. Paura L, Jonkus D. Inbreeding evaluation in Latvia local cattle breeds. *Acta Fytotech Zootech.* 2020;23:52-7. doi: 10.15414/afz.2020.23.mi-fpap.52-57.
121. González-Cano R, González-Martínez A, Muñoz-Mejías ME, Valera P, Rodero E. Analyses of Genetic Diversity in the Endangered “Berrenda” Spanish Cattle Breeds Using Pedigree Data. *Animals.* 2022;12:249. doi: 10.3390/ani12030249.
122. Addo S, Schäler J, Hinrichs D, Thaller G. Genetic Diversity and Ancestral History of the German Angler and the Red-and-White Dual-Purpose Cattle Breeds Assessed through Pedigree Analysis. *Agric Sci.* 2017;8:1033-47. doi: 10.4236/as.2017.89075.
123. Parland SM, Kearney JF, Rath M, Berry DP. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J Anim Sci.* 2007;85:322-31. doi: 10.2527/jas.2006-367.
124. Dalton JC, Robinson JQ, Price WJ, DeJarnette JM, Chapwanya A. Artificial insemination of cattle: Description and assessment of a training program for veterinary students. *J Dairy Sci.* 2021;104(5):6295-6303. doi: 10.3168/jds.2020-19655.

125. Oatley JM. Spermatogonial stem cell biology in the bull: development of isolation, culture, and transplantation methodologies and their potential impacts on cattle production. *Soc Reprod Fertil Suppl.* 2010;67:133-43.
126. Šveistienė R, Kaurynienė EK. Lietuvos baltųjų galvijų populiacijos struktūros pokyčiai. *Gyvininkystė.* 2011;58.
127. De Vries A, Marcondes MI. Review: Overview of factors affecting productive lifespan of dairy cows. *Animal.* 2020 Mar;14(S1) doi: 10.1017/S1751731119003264.
128. Adamczyk K, Szarek J, Majewska A, Jagusiak W, Gil Z. Factors affecting longevity of cows with high share of Polish local breeds' genes. *Anim Sci Pap Rep.* 2017;35:35-46. Available from: <https://www.igbzpan.pl/uploaded/FSiBundleContentBlockBundleEntityTranslatableBlockTranslatableFilesElement/filePath/663/str35-46.pdf>
129. Bieber A, Wallenbeck A, Leiber F, Fuerst-Waltl B, Winckler Ch, Gullstrand P, et al. Production level, fertility, health traits, and longevity in local and commercial dairy breeds under organic production conditions in Austria, Switzerland, Poland, and Sweden. *J Dairy Sci.* 2019;102:5330-41. doi: 10.3168/jds.2018-16147.
130. Dell A, Curry M, Hunter E, Dalton R, Yarnell K, Starbuck G, et al. 16 Years of breed management brings substantial improvement in population genetics of the endangered Cleveland Bay Horse. *Ecol Evol.* 2021;11:14555-72. doi: 10.1002/ece3.8118.
131. Licitra G, Blake RW, Oltenacu PA, Barresi S, Scuderi S, Van Soest PJ. Assessment of the dairy production needs of cattle owners in southeastern Sicily. *J Dairy Sci.* 1998;81:2510-7.
132. Bonanno A, Tornambè G, Bellina V, De Pasquale C, Mazza F, Maniaci G, et al. Effect of farming system and cheesemaking technology on the physicochemical characteristics, fatty acid profile, and sensory properties of Caciocavallo Palermitano cheese. *J Dairy Sci.* 2013;96:710-24. doi: 10.3168/jds.2012-5973.
133. Buckley F, Walsh S, Dillon P. Comparison of breed of dairy cow under grass-based spring milk production systems. *Dairy Production Research Center.* 2010. Available from: <https://t-stor.teagasc.ie/bitstream/handle/11019/995/EOPR-4980.pdf>
134. Strazdas A, Tušas S. Skirtingų genotipų ir skirtingų linijų Lietuvos žaliųjų karvių produktyvumo rodiklių palyginimas. *Veterinarija ir zootechnika.* 1998;5(27).
135. Petraškienė R, Pečiulaitienė N, Jukna V. Pieninių veislių galvijų kryžminimo įtaka vidutiniam produktyvumui ir vidutinei laktacijos trukmei. *Veterinarija ir zootechnika.* 2013;64(86).
136. Strazdas A, Masiulienė A. Skirtingų genotipų Lietuvos juodmargių ir Lietuvos žaliųjų karvių produktyvumo rodiklių koreliaciniai ryšiai. *Veterinarija ir zootechnika.* 1996;2(24):81-7.
137. Čiurlys K, Darbutas J, Gaidžiūnienė N, Strols K. Lietuvos Juodmargių ir Lietuvos žaliųjų galvijų selekcija. *Mokslinių straipsnių rinkinys Nr. 71. Akademija: Lietuvos Žemės ūkio konsultavimo tarnyba.* 1998. p. 5-7.
138. Kuosa J, Strazdas A. Danijos žaliųjų bei Danijos žaliųjų ir Lietuvos žaliųjų galvijų palikuonių produktyvumas ir kitos ūkiškai naudingos savybės. *Lietuvos Gyvininkystės mokslinio tyrimo instituto darbai X. Vilnius; 1968.*
139. Strazdas AJ. Lietuvos žaliųjų galvijų tobulinimas, panaudojant Danijos žaluosius. *Disertacija. Baisogala: Lietuvos TSR žemės ūkio Ministerija. Lietuvos Gyvininkystės Mokslinio Tyrimo institutas; 1966.*
140. Otwinowska-Mindur A, Ptak E, Jagusiak W. Genetic relationship between lactation persistency and conformation traits in Polish Holstein-Friesian cow population. *Czech J Anim Sci.* 2016;61(2):75-81.
141. Gaidžiūnė N, Darbutas J. Karvių eksterjero linijinio vertinimo metodikos paruošimas ir pritaikymas galvijų veislininkystėje. *Gyvininkystė.* 1996;28:13-27.

142. Marinov I. Review Selection for linear traits for legs and feet and its significance for dairy cattle breeding. *Agric Sci Technol*. 2014;6(2).
143. Misztal I, Lawlor TJ, Short TH, VanRaden PM. Multiple-trait estimation of variance components of yield and type traits using an animal model. *J Dairy Sci*. 1992 Feb;75(2):544-51. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(92)77791-1.
144. Pérez-Cabal MA, García C, González-Recio O, Alenda R. Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity, and fertility in Spanish dairy cows. *J Dairy Sci*. 2006 May;89(5):1776-83. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(06)72246-9.
145. Kester E, Holzhauer M, Frankena K. A descriptive review of the prevalence and risk factors of hock lesions in dairy cows. *Vet J*. 2014 Nov;202(2):222-8. doi: 10.1016/j.tvjl.2014.07.004.
146. Jensen KC, Froemke C, Schneider B, Sartison D, Phuong DD, Gundling F, et al. Case-control study on chronic diseases in dairy herds in northern Germany: Symptoms at the herd level. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr*. 2017;130:404-14.
147. Juozaitienė V, Anskienė L, Banys A, Rekešiūtė A, Šileika A, Muzikevičius A, et al. Investigation of exterior traits dependence on the genotype of Lithuanian black and white cows according to the degree of Holstein genes. *Vet Med Zoot*. 2015;69(91):26-33. Available from: <https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2015/69/pdf/juozaitiene.pdf>
148. Tušas S, Mišeikienė R. Karvių melžimas. Lietuvos Sveikatos Mokslų Universitetas Veterinarijos Akademija; 2017. Available from: <https://mmc.lsmuni.lt/data/Mokomoji-knyga-Karviu-melzimas.pdf>
149. Bardakcioglu HE, Sekkin S, Oral Toplu HD. Relationship Between Some Teat and Body Measurements of Holstein Cows and Sub-Clinical Mastitis and Milk Yield. *J Anim Vet Adv*. 2011;10:1735-7.
150. George S, Joshi HC, Suman CL, Rathore RS, Bisht GS. Incidences of subclinical mastitis in crossbred cattle herd. *Indian J Anim Prod Mgmt*. 2007;23(1-4):1-4.
151. Sharma N, Singh NK, Bhadwal MS. Relationship of somatic cell count and mastitis: An overview. *AJAS*. 2011;24:429-38.
152. Sinha R, Sinha B, Kumari R, Vineeth MR, Shrivastava K, Verma A, et al. Udder and teat morphometry in relation to clinical mastitis in dairy cows. *Trop Anim Health Prod*. 2022;54(2):99. doi: 10.1007/s11250-022-03077-y.
153. Zink V, Zavadilová L, Lassen J, Štípková M, Vacek M, Štolc L. Analyses of genetic relationships between linear type traits, fat-to-protein ratio, milk production traits, and somatic cell count in first-parity Czech Holstein cows. *Czech J Anim Sci*. 2014;59(12):539-47.
154. Němcová E, Štípková M, Zavadilová L. Genetic parameters for linear type traits in Czech Holstein cattle. *Czech J Anim Sci*. 2011;56(4):157-62.
155. Ibrahim II, Larsen B. Frequencies of alleles of the B-blood group system in Red Danish dairy cattle. *Acta Vet Scand*. 1966;7(3):257-63. doi: 10.1186/BF03547115.
156. Tapio I, Varv S, Bennewitz J, Malevičiute J, Fimland E, Grislis Z, et al. Prioritization for conservation of Northern European cattle breeds based on analysis of microsatellite data. *Conserv Biol*. 2006;20(6):1768-79.
157. Barrandeguy ME, García MV. The Sensitiveness of Expected Heterozygosity and Allelic Richness Estimates for Analyzing Population Genetic Diversity. 2021. doi: 10.5772/intechopen.95585. Available from: <https://www.intechopen.com/chapters/74804>
158. Šveistienė R, Jatkauskienė V. Analyses of the genetic diversity within Lithuanian White-Backed cattle. *Vet Med Zoot*. 2008;44(66).
159. Zatoń-Dobrowolska M, Čitek J, Filistowicz A, Řehout V, Szulc T. Genetic distance between the Polish Red, Czech Red and German Red cattle estimated based on selected

- loci of protein coding genes and DNA microsatellite sequences. *Anim Sci Pap Rep.* 2007;25:45-54.
160. Prusak B, Sawicka-Zugaj W, Korwin-Kossakowska A, Grzybowski T. Y chromosome genetic diversity and breed relationships in native Polish cattle assessed by microsatellite markers. *Turk J Biol.* 2015;39:611-7.
 161. Petraitis J. Lietuvos žaliųjų galvijų morfologinių ir ūkinių savybių tyrimas. Lietuvos veterinarijos akademijos Darbai I Pirmasis tomas. Vilnius; 1952.
 162. Egger-Danner C, Cole JB, Pryce JE, Gengler N, Heringstad B, Bradley A, et al. Invited review: overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal.* 2015;9:191-207. doi: 10.1017/S1751731114002614.
 163. Krupová Z, Krupa E, Michaličková M, Wolfová M, Kasarda R. Economic values for health and feed efficiency traits of dual-purpose cattle in marginal areas. *J Dairy Sci.* 2016;99:644-56. doi: 10.3168/jds.2015-9951.
 164. Ozsvári L. Economic Cost of Lameness in Dairy Cattle Herds. *J Dairy Vet Anim Res.* 2017;6:283-9. doi: 10.15406/jdvar.2017.06.00176.
 165. Miglior F, Fleming A, Malchiodi F, Brito LF, Martin P, Baes CF. A 100-year review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J Dairy Sci.* 2017;100:10251-71. doi: 10.3168/jds.2017-12968.

PUBLIKACIJŲ, KURIOSE BUVO PASKELBTI DISERTACIJOS TYRIMŲ REZULTATAI, SĄRAŠAS

Leidiniuose, referuojamuose duomenų bazėje „Clarivate Analytics WEB of Science” ir turinčiuose citavimo rodiklį

1. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Kosinska-Selbi B., Schmidtman Ch., Ettema J.F., Juškienė V., Kargo M. „Application of a Bio-Economic Model to Demonstrate the Importance of Health Traits in Herd Management of Lithuanian Dairy Breeds“ *Animals*. 2022, 12 (15), 1926. <https://doi.org/10.3390/ani12151926>
2. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Razmatė V., Račkauskaitė A., Juškienė V. „Genetic Variability and Conservation Challenges in Lithuanian Dairy Cattle Populations“ *Animals*. 2023, 13 (22), 3506. <https://doi.org/10.3390/ani13223506>

Mokslinių konferencijų, kuriose buvo paskelbti disertacijos tyrimų rezultatai, sąrašas



1. **Marašinskienė Š.** „Atviros ir uždaros (senojo genotipo) populiacijos Lietuvos žалуjų galvijų veislės kilmės analizė“, 9-oji Jaunųjų mokslininkų konferencija. Jaunieji mokslininkai – žemės ūkio pažangai pranešimų. Pranešimų tezės; 2020. Vilnius.
2. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Juškienė V. „Lietuvos pieninių galvijų veislių ekonominis įvertinimas taikant bioekonominį modelį“, 10-oji Jaunųjų mokslininkų konferencija. Jaunieji mokslininkai – žemės ūkio pažangai. Pranešimų tezės. 2021. Vilnius.
3. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Juškienė V. Differences and similarities in the phenotypic evaluation of European Red dairy cattle // Book of Abstract of the 73rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP 2022). Porto, Portugal, 5-9 September, 2022/ European Federation of Animal Science. Wageningen (The Netherlands) : Wageningen Academic Publishers. Vol. 28, p 511-511 . <https://doi.org/10.3920/978-90-8686-937-4>
4. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Kosińska-Selbi B., Schmidtman C., Kargo M., Ettema J.F., Juškienė V. //Application of a bio-economic model for economic estimation of Lithuanian dairy breeds”; Book of Abstracts of the 72nd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science (EAAP 2021). Davos, Switzerland, 30 August - 3 September, 2021/ European Federation of Animal Science. Wageningen

(The Netherlands) : Wageningen Academic Publishers. Vol. 27. p.249-249 <https://doi.org/10.3920/978-90-8686-918-3>

5. **Marašinskienė Š.**, Šveistienė R., Juškienė V., Herd management perspectives of Lithuania dairy cattle breeds, Book of Abstracts XIX Baltic Animals Breeding Conference, 2022 14-15, Tartu, Estonia.

Article

Application of a Bio-Economic Model to Demonstrate the Importance of Health Traits in Herd Management of Lithuanian Dairy Breeds

Šarūnė Marašinskienė ^{1,*}, Rūta Šveistienė ¹ , Barbara Kosińska-Selbi ², Christin Schmidtman ³ , Jehan Frans Ettema ⁴, Violeta Juškienė ¹ and Morten Kargo ⁵

- ¹ Animal Science Institute, Lithuanian University of Health Sciences, R. Žebenkos 12, LT-82317 Baisogala, Lithuania; ruta.sveistiene@lsmuni.lt (R.Š.); violeta.juskieni@lsmuni.lt (V.J.)
- ² Biostatistics Group, Department of Genetics, Wrocław University of Environmental and Life Sciences, Koźuchowska 7, 51-631 Wrocław, Poland; barbara.kosinska@upwr.edu.pl
- ³ Institute of Animal Breeding and Husbandry, Kiel University, Hermann-Rodewald-Str. 6, 24118 Kiel, Germany; cschmidtman@tierzucht.uni-kiel.de
- ⁴ SimHerd A/S, Niels Pedersens Alle 2, DK-8830 Tjele, Denmark; je@simherd.com
- ⁵ Center for Quantitative Genetics and Genomics, Aarhus University, Blichers Allé 20, DK-8830 Tjele, Denmark; morten.kargo@qgg.au.dk
- * Correspondence: sarune.marasinskiene@lsmuni.lt

Simple Summary: The aims of dairy cattle breeding are more often associated with direct health evidence in relation to the net financial gain and the weighting factors are usually economic values that are retrieved from a model of a dairy herd production system. In our study we used a stochastic bio-economic model SimHerd, which allows us to derive economic values for production, fertility, calving, the survival of cows and calves and assign the importance of health traits to the economic values. Special emphasis was placed on the economics values of health traits and their importance for Lithuanian dairy cattle.

Abstract: Assessing the economic importance of traits is crucial for delivering appropriate breeding goals in dairy cattle breeding. The aim of the present study was to calculate economic values (EV) and assign the importance of health traits for three dairy cattle breeds: Lithuanian Black-and-White open population (LBW), Lithuanian Red open population (LR) and Lithuanian Red old genotype (LROG). The EV estimation was carried out using a stochastic bio-economic model SimHerd, which allows the simulation of the expected monetary gain of dairy herds. The simulation model was calibrated for LBW, LR and LROG breeds, taking into account breed-specific phenotypic and economic data. For each trait, two scenarios were simulated with a respective trait at different phenotypic levels. To obtain the EVs, the scenarios were compared with each other in terms of their economic outcomes. In order to avoid the double counting of the effects, the output results were corrected using a multiple regression analysis with mediator variables. The EVs were derived for the traits related to production ECM (energy-corrected milk), fertility, calving traits, calf survival, cow survival and direct health. To demonstrate the importance of health traits in herd management, we provided reliable EVs estimates for functional traits related to herd health. The highest EV for direct health traits, caused by an increase in of 1 percentage point, were those found for mastitis (EUR 1.73 to EUR 1.82 per cow-year) and lameness (EUR 1.07 to EUR 1.27 per cow-year). The total costs per case of ketosis, milk fever and metritis ranged from EUR 1.01 to EUR 1.30, EUR 1.14 to EUR 1.26 and EUR 0.95 to EUR 1.0, respectively. The highest economic values of dystocia were estimated for LROG (EUR −1.32), slightly lower for LBW (EUR −1.31) and LR (EUR −1.23). The results of this study show the importance of health traits to the economic features of cattle herd selection of new breeding goal and this would improve the herd health. The economic evaluation of the functional traits analyzed in this study indicated the significant economic importance of the functional traits in Lithuanian dairy cattle breeds.



Citation: Marašinskienė, Š.; Šveistienė, R.; Kosińska-Selbi, B.; Schmidtman, C.; Ettema, J.F.; Juškienė, V.; Kargo, M. Application of a Bio-Economic Model to Demonstrate the Importance of Health Traits in Herd Management of Lithuanian Dairy Breeds. *Animals* **2022**, *12*, 1926. <https://doi.org/10.3390/ani12151926>

Academic Editor: Wojciech Barański

Received: 29 June 2022

Accepted: 26 July 2022

Published: 28 July 2022

Publisher's Note: MDPI stays neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



Copyright: © 2022 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Keywords: bio-economic model; breeding goal; dairy cattle; economic value; herd health management

1. Introduction

In Lithuania, two main milk-type cattle breeds have been raised—Lithuanian-Black-and-White (LBW) and Lithuanian Red (LR) cows. Based on the Annual Report of Milk Recording (2021) [1], Lithuanian Red cows make up 26%, Lithuanian Black-and-White 71%, and Lithuanian Red old genotype cattle 0.04% (50 cows) of the total number of dairy cows in Lithuania. Lithuanian Black-and-White open population cattle, the largest population in Lithuania, was developed by crossbreeding local livestock with different imported breeds, such as Dutch Black-and-White, Ostfriesian and Swedish Black-and-White. LR was formed by crossing local Red cattle with different breeds, such as the Danish Red, Angler and Swedish Red-and-White, and there were also crossings with the Brown Swiss, Latvian Brown and Simmental cattle. In 1951, LR and LBW were recognized as independent breeds [2,3], but both were continuously improved by crossbreeding with international breeds. Currently, both dairy cattle breeds have become modern open populations. According to a study conducted in Lithuania, the population of Lithuanian Black-and-White cattle is dominated by 50–87.5% Holstein blood cows [4]. In order not to lose the specific genes because of intensive crossbreeding, the protection of old genotype LR and LBW cattle was started in 2001 [2].

Modern dairy cattle breeding has successfully increased production levels, but the upward trend in milk production per cow has been associated with undesirable side-effects: an increase in production diseases and reproductive problems [5]. According to Winding et al. [6], management and genetic effects are considered separately; however, genetic parameters, such as genetic correlations between production and health, may change depending on environment. In order to avoid this deterioration of functional traits, a balanced improvement of production and functional traits is required [7].

Usually, the estimated breeding values of different traits are combined into a total merit index [8,9]. A total merit index includes milk yield and several functional traits, such as calving ease, fertility, disease and longevity [7]. The term functional traits describe a set of characteristics of animals whose effect on the economic efficiency of cows is through a reduction in costs rather than an increase in product output. Functional traits, such as reproduction, longevity and health traits, were of increased interest to producers to improve herd profitability.

Currently, the aims of dairy cattle breeding are more often associated with direct health evidence in relation to the net financial gain [4,10]. In dairy cattle breeding, the weighting factors are usually economic values (EV) that are retrieved from a model of a dairy herd production system [11]. According to Wolfová and Wolf [12], an accurate definition of the regarded traits is important when calculating the EV of a trait, and the relationships between the trait of interest and other traits need to be considered and properly accounted for. Another aspect is a double counting problem, when the EV is derived using models where correlations between the traits are included. Østergaard et al. [11] proposed a solution, which helps to correct the calculated EVs of breeding traits using multiple regression analysis with mediator variables. This allows to eliminate the economic effects caused by the correlations of the simulated traits and, thus, to avoid double counting. Schmidtmann et al. [13] defined EVs as the marginal utility of a trait reflecting the direction of each trait in the breeding goals of dairy cattle and the impact on monetary profit while keeping all other traits constant.

The role of herd management and herd health is becoming increasingly important and has to meet the challenges of balancing high yield with reproductive performance and rearing healthy animals during their entire life. For instance, ketosis is a common disease in high producing dairy cows during the early lactation period with considerable associated economic costs [14]. According to Juozaitiene et al. [15], the analysis of the calving ease

score in LBW dairy cows showed that 34.71% of animals needed assistance calving, of which 3.11% of cows was evaluated as needing “considerable force” or having an “extremely difficult birth”. Enting et al. [16] found that the average economic losses on the farms from clinical digital diseases per foot-lame cow (NLG 50 per average cow) averaged 21% of incidence per year in Duch dairy farms. Reduced dairy herd profitability is associated with health and fertility costs, which are also the leading causes of involuntary culling.

In Lithuania, direct health traits have not yet been officially included in the national genetic evaluation system, because direct health traits are not routinely recorded as production and calving traits. The selection index of dairy cattle consists of the following groups: productivity, exterior, somatic cell score, fertility and longevity [17], but recently, more and more attention has been paid to improve functional characteristics, such as health traits in dairy cattle breeding.

Therefore, the objective of this study was to derive EVs for production, fertility, calving, and survival of cows and calves and assign the importance of health traits to the EVs for three Lithuanian cattle breeds. In the study, special emphasis was placed on the economics values of health traits and their importance for Lithuanian dairy cattle. For this purpose, a stochastic bio-economic model SimHerd was used. SimHerd simulates the expected monetary gain in dairy cattle herds for a long period time and is thus a good basis for designing breeding goals.

2. Materials and Methods

The stochastic bio-economic model SimHerd [18–20], which simulates the expected monetary gain in dairy herds, was used. The details of the model are described in Østergaard et al. [18] and, therefore, this paper presents only a brief outline of the model. The simulation model was calibrated for the three breeds (LWB, LR and LROG), taking into account a breed-specific phenotypic and economic data from the Annual Report of Milk Recording of Lithuanian breeds. For each trait, two scenarios were simulated with the respective trait at different phenotypic levels: the current performance level of the trait parameters as recorded in the herd was increased by 1 percentage point (“high” scenario) and decreased by 1 percentage point (“low” scenario). To obtain the EVs, the two different scenarios were compared with each other at two levels in terms of their economic outcomes. To avoid double-counting of effects, the economic outcome was corrected using multiple regression analysis with mediator variables [11].

2.1. SimHerd—A Bio-Economic Model

The SimHerd model [18] is widely used in many dairy cattle modeling studies, i.e., for deriving economic values for setting breeding goals [13,21] or for investigating the economic consequences of crossbreeding [22]. The SimHerd program models milk yield, feed intake, reproduction and diseases. The simulation was performed in weekly steps. A schematic overview of the stages of the SimHerd model is given in Table 1.

2.2. Description of Traits

EVs were derived for 15 traits grouped in different trait categories:

1. Production. ECM (kg) was calculated on the basis of milk, fat and protein yield for LBW, LR and LROG. The study assumed that the lower use of concentrates for the LROG was due to lower yield.
2. Health traits. EVs were estimated for the following diseases: mastitis related with udder health, lameness in relation to the health of claws and legs, ketosis and milk fever associated with metabolic health and metritis representing a reproductive disorder in dairy cattle.
3. Reproduction traits. EVs were estimated for conception rate and insemination rate of both cows and heifers. Conception rate was the probability of a cow/heifer to become pregnant after insemination. The insemination rate of a cow/heifer was defined as the probability of a female to become pregnant after insemination.

4. Calving traits. Calving traits were represented by dystocia and stillbirth. Dystocia was defined as the probability of a difficult calving with veterinary assistance. Stillbirth was defined as the proportion of dead calves within 48 h postpartum as an average of both primiparous and multiparous cows.
5. Calf and cow survival traits. Calf survival (early and late) traits were represented by the probability of a calf dying in the period from 3 d to 14 d postpartum and 189 to 458 d postpartum, respectively. Cow mortality was represented as the probability of a cow dying due to a process not influenced by the health of the fertility problem.

Table 1. Schematic diagram showing stages of the SimHerd model.

1.	2.	3.
Lithuanian Black-and-White cattle open population (LBW)	Lithuanian Red cattle open population (LR)	Lithuanian Red cattle old genotype (LROG)
Simherd—mechanistic, dynamic and stochastic dairy herd model Monte Carlo model prediction of the production and states of the herd time		
2 STEPS:		
1. INPUT DATA:		2. OUTPUT DATA:
Parameter values for relations in the model: <ul style="list-style-type: none"> • Breed calibration with the online version of SimHerd (https://simherd.com/en/, accessed on 25 January 2022): the simulation model was calibrated for the breeds, taking into account breed-specific phenotypic data from productivity Annual Reports of Lithuanian Breeds. • The average herd size—200 cows. • Simulated 40 years. First 10 years were deleted in order to diminish the effect of the actual state of the herd in the first simulation time-step. • Replicated in 1000 simulations runs. • Cows and heifers are described dynamically in weekly steps. 		Technical annual results: <ul style="list-style-type: none"> • Simulated scenarios were studied by applying a set of assumed Lithuanian prices and costs for the corresponding technical results. • Scenarios were simulated to represent dairy herds with “low” and “high” levels of the trait. • Performing multiple regression analysis to avoid double counting. • The economic profit (EUR/year) of the simulated dairy herds is estimated mechanically as the difference between the total revenues and total costs [11,18].

2.3. Double Counting and Multiple Regression

According to Østergaard et al. [11], the EVs for each trait must be derived independently from other breeding goal traits. In order to avoid the double counting of effects, the simulated economic outcome from SimHerd was corrected using multiple regression analysis. The correlations between the traits can be understood as indirect pathways (referred to as mediator effects) from the trait of interest to the simulated outcome. Therefore, in the present study, the economic outcome was corrected for inter-relations between traits to avoid double counting when deriving EVs, as proposed by Østergaard et al. [11]. The mediator variable has to be modeled as correlating with the traits of interest in SimHerd, and also has to be a part of the breeding goal with an own EV [11]. For example, ketosis in dairy cattle causes substantial losses in milk yield even before any clinical symptoms in sick cows are visible [23]. However, the economic consequences of reduced milk yield due to the sickness of cows must not be accounted for in the EV of ketosis since milk yield is also a part of the breeding goal. In Table 2, traits used as mediator variables in the regression analyses of disease traits and dystocia are presented.

Table 2. Mediator variables used in the regression analyses for the regarded traits.

Trait	Traits Used as Mediator Variables
Mastitis	Milk yield Cow mortality

Table 2. Cont.

Trait	Traits Used as Mediator Variables
Metritis	Milk yield Ketosis Cow conception rate Cow insemination rate
Ketosis	Milk yield Cow conception rate
Milk fever	Milk yield Metritis Mastitis Dystocia
Lameness	Milk yield Cow conception rate Cow mortality
Dystocia	Stillbirth Cow mortality

Milk yield was used as a mediator variable of all diseases. The EV of mastitis was corrected using milk yield and cow mortality as mediator variables. The EV of metritis was corrected using milk yield, ketosis, cow conception rate and cow insemination as mediator variables. Milk yield and cow conception rate were used as mediator variables in the regression analysis of ketosis. Milk fever was corrected using milk yield, metritis, mastitis and dystocia as mediator variables. In the regression analysis, lameness was corrected using milk yield, cow conception rate and cow mortality. Dystocia was corrected using stillbirth and cow mortality. The regression model can be described as follows [11,13,21]:

$$NetReturn_{ijkl} = \mu + \beta_a x_{ij} + \sum_{k=1}^n \beta_{bk} m_k + \beta_c x_diff_{ij} + \varepsilon_{ijkl} \tag{1}$$

where $NetReturn_{ijkl}$ is the average annual net return, resulting from the i -th simulated replicate ($i = 1, \dots, 1000$) for the j -th simulated level ($j = 1, 2$) of the trait x_{ij} . β_a denotes the corresponding regression coefficient and, at the same time, represents the estimate of the EV of trait x_{ij} . As μ denotes the fixed intercept, β_{bk} is the regression coefficient of the mediator variable m_k , where each of the n mediator variables have to be considered in the regression. Since SimHerd provides stochastic simulation elements, x_diff_{ij} is included with its regression coefficient β_c to account for independent random variation within the simulated risk level and ε_{ijkl} is the random residual error. Table 2 provides information in which mediator variables m_k were used in the regression analyses to correct regarded trait x_{ij} [11].

2.4. Input Parameters for Model Calibration

The simulation model was calibrated for the LR, LROG and LBW breeds using breed-specific phenotypic data. Milk and reproductive performance data were collected from the productivity reports of the Lithuanian Controlled Cow Herds for 2016–2017, no. 81 [24], and are shown in Tables 3 and 4. In these tables the following parameters were specified for each breed separately: fat and protein (%), energy corrected milk (ECM), calving interval estimated in days, age at 1st calving estimated in months, heat observation rate for cows and heifers, conception rate for cows and heifers and start of breeding, estimated in days.

Table 3. Mean phenotypes for 305-d ECM, fat and protein (kg) for the LBW, LR and LROG.

Item	LBW	LR	LROG
Fat%	4.31	4.43	4.56
Protein %	3.35	3.50	3.48
1st lactation. kg ECM *	6741	6907	4916
2nd lactation. kg ECM *	7648	7596	5553
3rd lactation. kg ECM *	7526	7469	5949

* ECM = energy-corrected milk.

Table 4. Mean values of reproduction traits assumed for LBW, LR and LROG.

Trait	LBW	LR	LROG
Calving interval [days]	424	412	421
Age at 1st calving [months]	27.2	25.8	24.6
Heat observation rate cows [%]	43.16	45.16	45.24
Heat observation rate heifers [%]	59.91	55.08	55.56
Conception rate cows [%]	50 *	45 *	50 **
Conception rate heifers [%]	62.5 *	58.82 *	62.5
Start breeding [days]	44.27	46.67	45.62

* Conception rate was calculated by the formula: $(1/\text{no of insemination}) \times 100$. ** Simulated by SimHerd.

Table 4 presents the parameters that were used in the calculations: the calving interval was the shortest in LR, and it was 12 and 9 days longer in LBW and LROG, respectively, compared with LR. The age at 1st calving (months) was the highest in LBW. The heat observation rate for cows was the highest in LR and LROG. The conception rate for cows was 5% lower in LR than in LBW and LROG. This parameter was calculated by the formula $(1/\text{no of insemination}) \times 100$. The number of inseminations was 2.0 in LBW and 2.2 in LR. The conception rate for LROG cows was simulated using the SimHerd program.

The information about the diseases of the breeds is presented in Table 5. The following input parameters were specified: incidence rates of stillbirth, milk fever, dystocia, metritis, ketosis, mastitis and lameness. The levels of prices and costs used in the simulations are presented in Table 6. The prices and costs were the same for all the breeds except for LBW, where the prices for pregnant heifers, unpregnant heifers, bull calves and semen were higher.

Table 5. Number of treatments (per 100 cow-years) for the respective diseases in the breeds LBW, LR and LROG.

Disease	Breed		
	LBW	LR	LROG
Stillbirth *	6.5	5.2	-
Milk fever **	3.5	3.5	3.5
Dystocia **	1.3	1.3	1.3
Metritis **	8.0	7.0	7.0
Ketosis **	4.4	4.4	4.4
Mastitis **	26	26	26
Lameness **	19	19	19

* Stillbirth—Genetics evaluation model of calf mortality and general calving, creating an index of features, 2015 [25].

** Based on the 2018 Annual Report of Nordic Cattle Genetic Evaluation [26].

Table 6. Levels of prices and costs (in Euro) used for simulations.

Year 2019	LBW	LR	LROG
Price kg ECM delivered to the dairy ¹	EUR 0.29	EUR 0.29	EUR 0.29
Price per kg live weight for slaughter cows ²	EUR 0.94	EUR 0.94	EUR 0.94
Price for a dead cow for fallen stock company ³	EUR 33	EUR 33	EUR 33
Price to dispose of a dead heifer ³	EUR 21	EUR 21	EUR 21

Table 6. Cont.

Year 2019	LBW	LR	LROG
Price to dispose of a dead calf ³	EUR 9	EUR 9	EUR 9
Price of pregnant heifer ⁶	EUR 1300	EUR 1050	EUR 1050
Price of unpregnant heifer ⁶	EUR 800	EUR 550	EUR 550
Price of bull calves ⁶	EUR 200	EUR 150	EUR 150
Price per kg milk powder ¹	EUR 2.02	EUR 2.02	EUR 2.02
Price per SFU of concentrates for heifers ⁴	EUR 0.23	EUR 0.23	EUR 0.23
Price per SFU of roughages for heifer ⁴	EUR 0.10	EUR 0.10	EUR 0.10
Treatment cost for a case of clinical Mastitis ⁵	EUR 89	EUR 89	EUR 89
Treatment costs for a case of Milk Fever ⁵	EUR 54	EUR 54	EUR 54
Treatment costs for a case of Dystocia ⁵	EUR 69	EUR 69	EUR 69
Treatment costs for a case of Metritis ⁵	EUR 72	EUR 72	EUR 72
Treatment costs for a case of Ketosis ⁵	EUR 70	EUR 70	EUR 70
Cost for semen ⁶	EUR 20	EUR 7	EUR 7

¹ “Agro market” 2019, 2020 Lithuanian agricultural and food market information system; ² Survey of farmers; ³ Rietavo Veterinary Sanitation (VAT covered 100%); ⁴ list of normative prices for biological assets and agricultural products in 2019; ⁵ LUHS Institute of Animal Science; ⁶ Private AI Centers.

3. Results

3.1. Herd Statistics: Income and Costs for Lithuanian Dairy Breeds

For the better understanding of the simulated economic outcome for each breed, all relevant income items and cost positions are given in Table 7.

Table 7. Simulated annual economic results (EUR/cow) in a herd of LBW, LR and LROG.

	Lithuanian Dairy Cattle Breeds		
	LBW	LR	LROG
Income			
Milk	2110	2148	1675
Slaughter	143	136	140
Calves	100	76	77
Slaughter of heifers	16	12	11
Heifers Live	63	75	73
Total income	2432	2447	1976
Costs			
Feed for cows	1027	1040	898
Feed for heifers	247	238	229
Insemination costs cows	35	13	12
Insemination costs heifers	13	5	5
Veterinary costs for cows	105	109	111
Other costs for cows	202	202	202
Other costs for heifers	47	46	45
Variables costs	1676	1653	1502
Total contribution margin	756	794	474

The annual economic results were calculated by the income from milk, the slaughter of heifers, calves and heifer life and costs (feed for cows, feed for heifers, insemination for cows and heifers, veterinary and other costs). The annual economic results were calculated by deducting costs from the income. The analysis shows that the income from milk is one of the main sources of income throughout the year. In this analysis, the income from milk differs between LROG and LBW and also LROG breeds. The results showed that the largest income from milk was from LR and LBW, while the lowest from LROG. Feed for cows accounted for the largest share of expenditure in all the breeds. However, it should be noted that LROG showed the lowest cost per cow (LR + EUR 142, LBW + EUR 129). Table 7 indicates that the highest profit (EUR/cow) was found in a herd of LR (EUR 794), then followed LBW (EUR 756) and the lowest was that of LROG (EUR 474).

3.2. Economic Values

To demonstrate the importance of health traits, we provide reliable EV estimates (Table 8) for functional traits related with herd health. The EVs were expressed in Euro per marginal change in the unit of the trait and cow-year for the three cattle breeds in Lithuania.

Table 8. Marginal economic values (in Euro per change in trait unit and cow-year).

Trait Complex	Trait	Unit	Marginal EV		
			LBW	LR	LROG
Production	ECM	kg	0.16	0.16	0.21
Direct health	Mastitis	% point	−1.82	−1.73	−1.64
	Lameness	% point	−1.27	−1.22	−1.07
	Ketosis	% point	−1.30	−1.13	−1.01
	Milk fever	% point	−1.26	−1.26	−1.14
	Metritis	% point	−1.00	−0.95	−0.98
Calving	Dystocia	% point	−1.31	−1.23	−1.32
	Stillbirth	% point	−2.19	−1.87	−1.76
Calf survival	Early calf mortality	% point	−1.70	−1.14	−1.30
	Late calf mortality	% point	−3.51	−3.49	−2.63
Cow survival	Cow mortality	% point	−10.77	−11.44	−9.18
Fertility	CR heifers	% point	0.81	1.04	0.71
	CR cows	% point	3.82	1.95	1.96
	HO heifers	% point	0.37	0.59	0.51
	HO cows	% point	2.74	1.63	1.75

3.2.1. Economic Values of Production

The EVs of energy corrected milk (ECM) was 0.16 EUR/kg for LBW and LR, and EUR 0.21/kg for LROG. The higher EV for LROG is caused by a lower feed intake and a lower milk yield, compared with LR and LBW, as it was assumed that a larger proportion of concentrated feed was needed to ensure increased milk yield.

3.2.2. Economic Values of Direct Health Traits

The EVs of disease traits are expressed as economic consequences per cow-year due to an increase in mean disease incidence rate by one percent. If the EV is multiplied by 100, it expresses a total cost per case of the respective disease. The EVs of all health traits were highest for LBW, slightly lower for LR and lowest for LROG on the marginal scale. The highest EVs were found for mastitis in all three breeds. The results indicated the total costs of EUR 164 to 182 per case of mastitis, including direct costs, such as veterinary treatment, financial losses due to withdrawal of milk and additional labor costs. The present study revealed the total economic costs of EUR 107 to 127 per case of lameness. The EVs for direct health traits were found for ketosis (EUR 101 to EUR 130 per case), milk fever (EUR 114 to EUR 126 per case) and metritis (EUR 95 to EUR 100 per case). The EVs of direct health traits were affected by the differences in milk yield, for example, a lower milk yield performance of the LROG breed leads to lower economic values because of fewer economic losses associated with withdrawal milk. Due to the fact that mastitis was characterized by the highest values among economic health traits, a study was carried out to analyze in more detail the income and costs in relation to mastitis increase. The data presented in Figure 1 indicate the change per cow in the income from milk, carcass, calf and heifer selling and costs related to heifer and cow feeding, insemination and disease treatment by analyzing the differences of the two different scenarios in all the breeds.

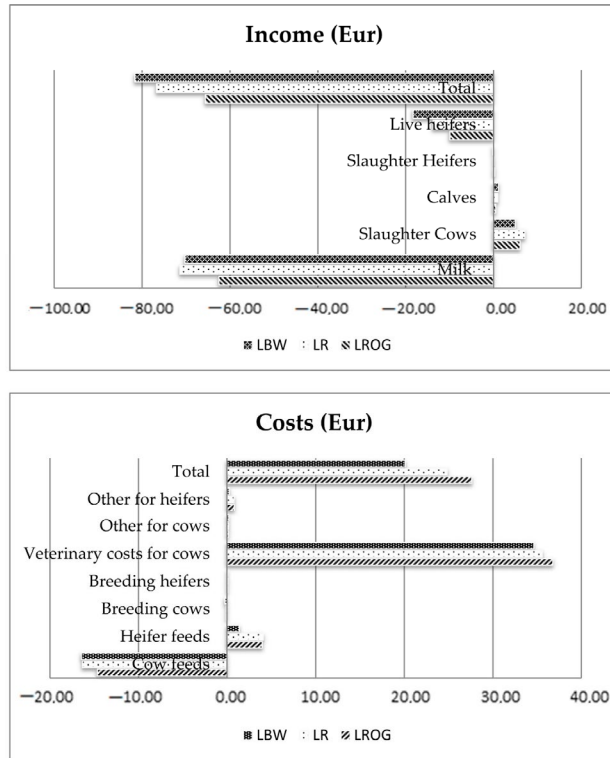


Figure 1. Economic incomes and costs (in Euro) caused by an increase in mastitis rate of 1 percentage point for the breeds LBW, LR and LROG.

The analysis of the income indicated that a negative economic return for milk, i.e., lost sales, was typical for all the breeds, but the highest was found for LR (EUR -71.36) and LBW (EUR -70.22), whereas the lowest was for LROG (EUR -62.47), and this was the results of the difference in milk yields. The highest income from slaughtered cows was found in LR and the lowest in LBW breeds. The losses for the unsold heifers were different, a low loss was found in LROG and the highest loss in LBW. All the income was added as the total income, and the highest and lowest income was estimated for LBW and LROG breeds. Cow treatment and feeding made economic costs in all the breeds. The highest costs caused by mastitis were estimated in LROG. The largest aspect is veterinary costs for cows. These results may have been influenced by the fact that the age of lactation for LROG was the highest [24].

3.2.3. Economic values of Calving

The highest economic values of dystocia were estimated for LROG (EUR -1.32), slightly lower for LBW (EUR -1.31) and LR (EUR -1.23). In order to avoid double counting, in the regression analysis dystocia was corrected by the mortality data of cows and calves. Dystocia involves direct expenses, such as veterinary treatment and additional labor force, and also economic impact due to herd information effect. LBW showed the

highest stillbirth EV (in EUR per change in trait unit and cow-year), which was EUR -2.19 , a slightly lower EV was found in LR (EUR -1.87) and LROG (EUR -1.76). Due to the fact that stillbirth was characterized by the highest values among calving traits, a study was carried out to analyze in more detail the income and costs in relation to stillbirth increase. The income and costs in relation to the increasing stillbirth rate are presented in Figure 2.

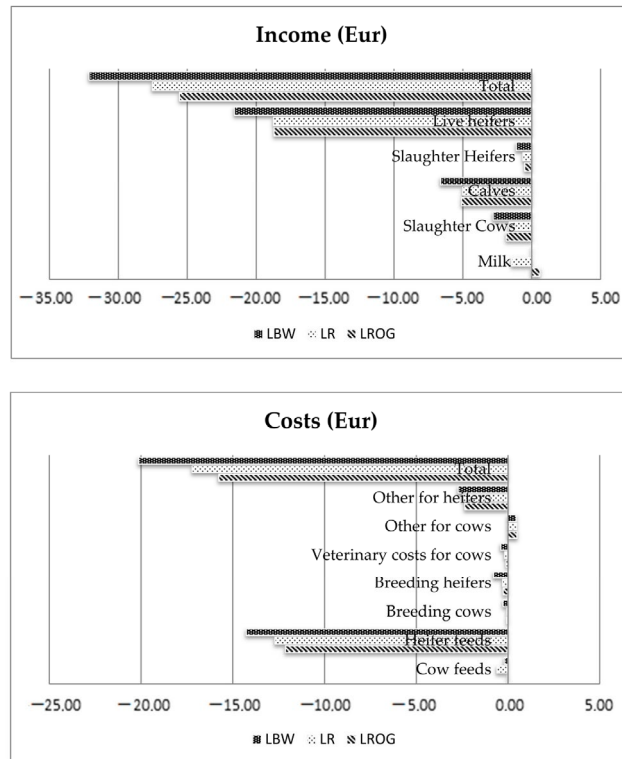


Figure 2. Economic income and costs (in Euro) caused by an increase in stillbirth rate of 1 percentage point for the breeds LBW, LR and LROG.

The analysis of the differences between “high” and “low” scenarios indicated that LBW demonstrated the highest lost income from live heifer, calf and slaughtered cow sales. The highest costs generated by the increased stillbirth rate were those of feeds for heifers.

3.2.4. Economic values of Calf survival

The largest EV for early calf mortality were estimated in LBW (EUR -1.70), whereas lower EVs in LROG (EUR -1.30) and LR (EUR -1.14). The economic values for late calf mortality were similar (from EUR -3.49 to EUR -3.51) in LBW and LR, whereas that for LROG was EUR -2.63 . The above values were influenced by carcass prices. The difference between high and low scenarios indicates that the income from live heifers is unequal, amounting to EUR -2.76 , -3.43 and -4.67 for, respectively, LROG, LR and LBW. The highest late calf mortality expenses were caused by heifer feeding, costs (from EUR -0.97 to -1.32). The income and cost analyses of late calf mortality are presented in Figure 3.

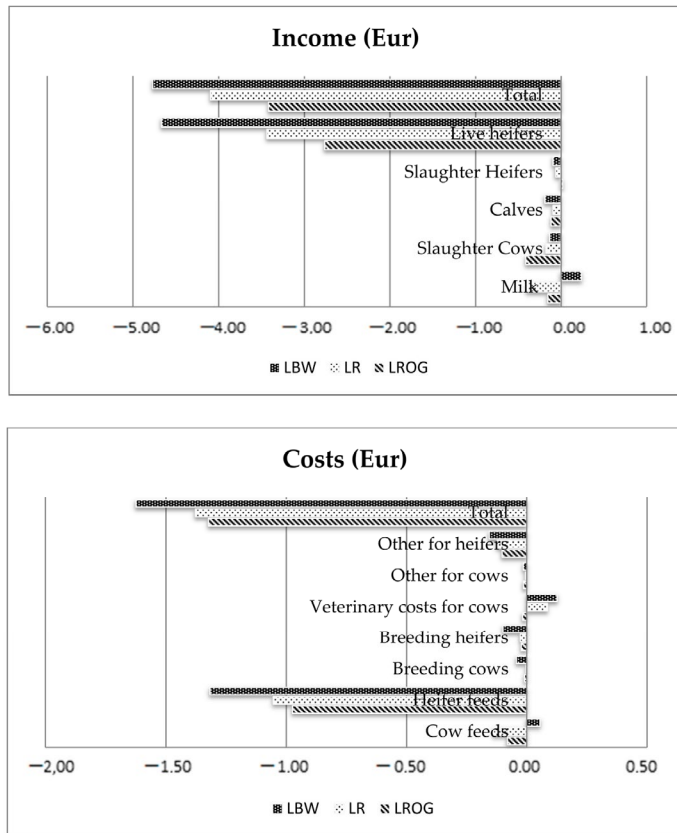


Figure 3. Economic income and costs (in Euro) caused by an increase in late calf mortality rate of 1 percentage point for the breeds LBW, LR and LROG.

3.2.5. Economic Values of Cow Survival

The highest economic loss between the breeds for cow mortality was estimated in LROG (EUR -918), LR (EUR -1144) and LBW (EUR -1077). The income and costs analyses of cow mortality are presented in Figure 4.

The analysis of the income indicated that a negative economic return for milk, slaughter cows and life heifers were estimated as the highest lost sales in LBW and LR breeds. All the income was added as the total income, and the highest and lowest income was estimated for LBW and LROG, respectively. The highest costs generated by the increased cow mortality rate were those of heifers feed and other costs for cows. All costs added, the highest were those of LROG and the lowest of the LR breed.

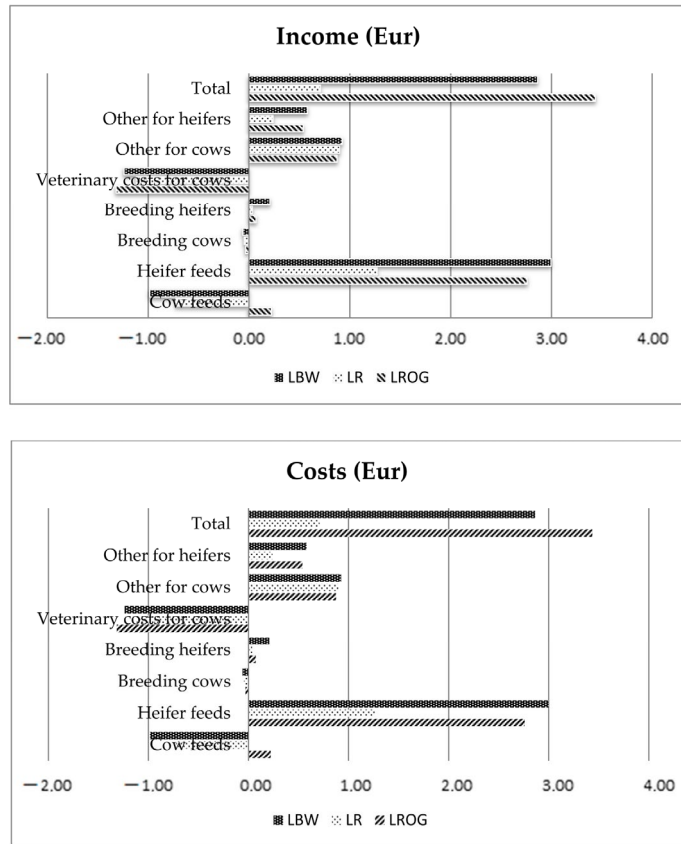


Figure 4. Economic income and costs (in Euro) caused by an increase in cow mortality rate of 1 percentage point for the breeds LBW, LR and LROG.

4. Discussion

To demonstrate the importance of health traits in herd management, reliable EVs estimates for functional traits related to herd health have been provided and expressed as the expected change in profit per cow-year. The information on cow health is becoming more important because of growing concerns about animal well-being and consumer demands for healthy and natural products [27]. Balancing fertility, udder health and metabolic diseases with high production is critical to herd management to maximize profits without compromising welfare [27]. Egger-Danner et al. [27] stated that many functional traits have negative genetic correlations with milk yield, and reductions in genetic merit for health and fitness have been observed. In our case, across the diseases, the highest EVs were found for mastitis and milk fever in LR and LROG, whereas mastitis and ketosis showed the highest EV in the LBW breed. The direct comparison of the EV between different countries is hardly possible, because of different economic assumptions and different production systems, but the tendencies of the EVs between different traits

can be compared. According to Schmidtman et al. [13], EVs of mastitis were highest in German dairy breeds with total economic costs per case of mastitis from EUR 257 to 271. Higher costs are primarily determined by higher treatment costs. A lower economic value of clinical mastitis (EUR 70.65 per case per cow and year) was estimated in a study with Pinzgau cattle [28]. Our results are, however, in agreement with results from other investigations, where mastitis is considered one of the most prevalent and costly diseases in dairy herds [29,30]. The second most pressing issue within the dairy industry is lameness; it has severe economic implications by causing a serious impact on animal welfare [31]. According to Ozsvari [32], the magnitude of loss resulting from lameness in dairy units is very similar in different countries, mostly varying between EUR 100–300 per case. According to our data, lameness in dairy cattle populations takes the third place across the estimated diseases, while in German breeds, mastitis and lameness had the highest EV [13]. According to Enting et al. [16], on Dutch dairy farms, claw lameness ranked third after mastitis and fertility problems. Among all the diseases, the second highest EVs were found to be ketosis in LBW and milk fever in both LR populations, and both diseases are known as disorders related to metabolic health in dairy cattle.

The estimated EVs for milk production traits in 305 days were higher for LROG and as they were affected by lower feeding costs for low production breeds. Similar results were obtained from Polish Holstein (PH) and Polish Red (PR) cattle [21]. Calving performance is considered as an important functional trait in dairy cattle [33]. Calving difficulties may cause injuries for both cows and calves and there is a higher possibility for increased stillbirth, lower milk production and the impaired health of cows. According to Mahnani et al. [34], stillbirth is an economically important trait on dairy farms and the knowledge of the consequences of and the economic losses associated with this trait can help the producer when making management decisions. LBW showed the highest stillbirth EV, which amounted to EUR 2.19 per change in trait unit and cow-year. These results are presumably influenced by 33% higher selling price for LBW calves in comparison with LROG and LR. Dystocia involves direct expenses, such as veterinary treatment and additional labor force, and also economic impact due to herd information effects. Kosińska-Selbi et al. [21] estimated the EVs of calving traits for Polish dairy cattle breeds using a bio-economic model. The economic value of stillbirth was observed for the Polish Holstein (EUR −1.53) and Polish Red (EUR −1.67) breeds, and that of dystocia for Polish Holstein (EUR −0.94) and Polish Red (EUR −1.26). The results of early calf mortality in Lithuania were influenced by higher selling prices for LBW nonpregnant and young heifers. The price for LBW of nonpregnant heifers was EUR 250 higher than that for Lithuanian Red Cattle, which could be explained by the fact that in Lithuania the population of Lithuanian Black-and-White cattle is dominated by 50–87.5% Holstein blood cows. In a dairy herd, heifers are very important as future replacement for milking cows and should be reared in an optimal way to maximize health, welfare and future prospective of milking cows [35].

Cow mortality in the bio-economic model is described as the on-farm death and as the total loss of a cow from the herd. The costs, such as production losses and treatment costs that preceded the death of the cow, are not considered. The economic effect involved in the economic value of cow mortality means profit loss as the animals are not sold for slaughter, also heifer replacement and carcass extermination expenses. The analysis of Polish Red cattle breeds indicated that the EV for cow mortality was from EUR 1208 to EUR 1239 [21].

In Lithuania, direct health traits have not been included in the national genetic evaluation yet, due to the lack of recorded data, but they are extremely important and help to improve herd profitability. In contrast to Germany, Norway, Denmark, Sweden and Finland, where direct health traits are officially introduced in the national genetic evaluation [28,36,37]. Therefore, all health trait characteristics should be recorded on farms and subsequently included in herd management programs.

5. Conclusions

The bio-economic simulation model SimHerd appeared to be a suitable tool for the EV derivation of the functional traits of Lithuanian dairy breeds. Overall, the results of this study allow to set up new breeding goals for all breeds and at the same time demonstrate the importance of health traits in herd management. The economic evaluation of the functional traits analyzed in this study indicated high economic importance of the functional traits in LR, LROG and LBW breeds. This study concludes that the development of joint breeding goals for health traits is very important for the best economic results. The balanced breeding goal reflects not only production, fertility or calving but also derives health trait benefits and positive economic value. The calculation of the EV, including animal health status, would allow the increase in the interest of dairy herd management by implementing on-farm methods for health status and dairy cow production analyses and development schemes that would decrease the number of disease cases and limit the use of drugs.

Author Contributions: Conceptualization, Š.M. and R.Š.; methodology, J.F.E., M.K. and Š.M.; software, J.F.E.; validation, Š.M., R.Š., B.K.-S., C.S., J.F.E., V.J. and M.K.; formal analysis, Š.M. and R.Š.; investigation, Š.M., R.Š., B.K.-S., C.S., J.F.E. and M.K.; resources, Š.M. and R.Š.; writing—original draft preparation, Š.M. and R.Š.; writing—review and editing, C.S., B.K.-S. and M.K.; visualization, Š.M.; supervision, M.K.; project administration, M.K. and V.J.; funding acquisition, V.J. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This research was supported by the Ministry of Agriculture of the Republic of Lithuania, Agreement No. TM-17-1. The project has received funding from the European Union Horizon 2020 Research and Innovation Program under grant agreement no. 696231—ReDiverse (Biodiversity within and between European Red Dairy Breeds).

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data are contained within this article.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Agricultural Information and Rural Business Centre. *Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2019–2020*; Ministry of Agriculture of the Republic of Lithuania: Vilnius, Lithuania, 2020.
2. Razmaitė, V.; Šveistienė, R.; Macijauskienė, V.; Zapasnikienė, B.; Janušonis, S.; Juodka, R.; Benediktavičiūtė-Kiškienė, A.; Ribikauskienė, D. *Farm Animal Breeds in Lithuania*; LVA Gyvulininkystės Institutas: Baisogala, Lietuva, 2007; pp. 18–22.
3. Petraitis, J. *Veislės Sudarymo Procesas Ir Biologinės Savybės. Lietuvos Žalioji Galvijai*; Mintis: Vilnius, Lithuania, 1966; p. 255.
4. Urbšienė, D.; Urbšys, A. *Automatizuotas Melžimo Sistemos Bei Elektroninius Pieno Matuoklius Naudojančių Ūkių Kontroluojamų Karvių Produkcijos Apskaitos Optimizavimas. Galutinė Ataskaita*; LSMU Gyvulininkystės Institutas: Baisogala, Lietuva, 2014; Available online: https://zum.lrv.lt/uploads/zum/documents/files/LT_versija/Veiklos_sritys/Mokslas_mokymas_ir_konsultavimas/Moksliniu_tyrimu_ir_taikomosios_veiklos_darbu_galutines_ataskaitos/4darbas2014.pdf (accessed on 25 November 2021).
5. Rauw, W.M.; Kanis, E.; Noordhuizen-Stassen, E.N.; Grommers, F.J. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: A review. *Livest. Prod. Sci.* **1998**, *56*, 15–33. [[CrossRef](#)]
6. Windig, J.J.; Calus, M.P.L.; Beerda, B.; Veerkamp, R.F. Genetic Correlations Between Milk Production and Health and Fertility Depending on Herd Environment. *J. Dairy Sci.* **2006**, *89*, 1765–1775. [[CrossRef](#)]
7. Nielsen, H.M.; Groen, A.F.; Østergaard, S.; Berg, P. A stochastic model for the derivation of economic values and their standard deviations for production and functional traits in dairy cattle. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.* **2006**, *56*, 16–32. [[CrossRef](#)]
8. Pfeiffer, C.; Fuerst-Waltl, B.; Schwarzenbacher, H.; Steininger, F.; Fuerst, C. A comparison of methods to calculate a total merit index using stochastic simulation. *Genet* **2015**, *47*, 36. [[CrossRef](#)]
9. Kargo, M.; Hjort, L.; Toivonen, M.; Eriksson, J.A.; Aamand, G.P.; Pedersen, J. Economic basis for the Nordic Total Merit Index. *J. Dairy Sci.* **2014**, *97*, 7879–7888. [[CrossRef](#)]
10. Brito, L.F.; Bedere, N.; Douhard, F.; Oliveira, H.R.; Arnal, M.; Peñaricano, F.; Schinckel, A.P.; Baes, C.F.; Miglior, F. Review: Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal* **2021**, *15*, 100292. [[CrossRef](#)]
11. Østergaard, S.; Ettema, J.F.; Hjort, L.; Pedersen, J.; Lassen, J.; Kargo, M. Avoiding double counting when deriving economic values through stochastic dairy herd simulation. *Livest. Sci.* **2016**, *187*, 114–124. [[CrossRef](#)]

12. Wolfová, M.; Wolf, J. Strategies for defining traits when calculating economic values for livestock breeding: A review. *Animal* **2013**, *7*, 1401–1413. [[CrossRef](#)]
13. Schmidtmann, C.; Thaller, G.; Kargo, M.; Hinrichs, D.; Ettema, J. Derivation of economic values for German dairy breeds by means of a bio-economic model—With special emphasis on functional traits. *J. Dairy Sci.* **2021**, *104*, 3144–3157. [[CrossRef](#)]
14. Cainzos, J.M.; Andreu-Vazquez, C.; Guadagnini, M.; Rijpert-Duvivier, A.; Duffield, T. A systematic review of the cost of ketosis in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **2022**, *105*, 6175–6195. [[CrossRef](#)]
15. Juozaitiene, V.; Juozaitis, A.; Kardisauskas, A.; Zymantiene, J.; Zilaitis, V.; Antanaitis, R.; Ruzauskas, M. Relationship between dystocia and the lactation number, stillbirth and mastitis prevalence in dairy cows. *Acta Vet. Brno* **2017**, *86*, 345–352. [[CrossRef](#)]
16. Enting, H.; Kooij, D.; Dijkhuizen, A.A.; Huirne, R.B.M.; Noordhuizen-Stassen, E.N. Economic losses due to clinical lameness in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* **1997**, *49*, 259–267. [[CrossRef](#)]
17. Agricultural Information and Rural Business Centre. Breeding Value. Available online: http://archyvas.vic.lt/?module=breed_value (accessed on 20 March 2022).
18. Østergaard, S.; Chagunda, M.G.G.; Friggens, N.C.; Bennedsgaard, T.W.; Klaas, I.C. A stochastic model simulating pathogen-specific mastitis control in a dairy herd. *J. Dairy Sci.* **2005**, *88*, 4243–4257. [[CrossRef](#)]
19. Ettema, J.F.; Østergaard, S. Economic decision making on prevention and control of clinical lameness in Danish dairy herds. *Livest. Sci.* **2006**, *102*, 92–106. [[CrossRef](#)]
20. Ettema, J.F.; Østergaard, S.; Sørensen, M.K. Effect of including genetic progress in milk yield on evaluating the use of sexed semen and other reproduction strategies in a dairy herd. *Animal* **2011**, *5*, 1887–1897. [[CrossRef](#)]
21. Kosińska-Selbi, B.; Schmidtmann, C.; Ettema, J.F.; Szyda, J.; Kargo, M. Breeding goals for conservation and active Polish dairy cattle breeds derived with a bio-economic model. *Livest. Sci.* **2022**, *255*, 104809. [[CrossRef](#)]
22. Clasen, J.B.; Kargo, M.; Fikse, W.F.; Strandberg, E.; Wallenbeck, A.; Østergaard, S.; Rydhmer, L. Conservation of a native dairy cattle breed through terminal crossbreeding with commercial dairy breeds. *Acta Agric. Scand. Sect. A—Anim.* **2021**, *70*, 1–12. [[CrossRef](#)]
23. Antanaitis, R.; Zilaitis, V.; Kučinskas, A.; Juozaitienė, V.; Leonauskaitė, K. Changes in cow activity, milk yield, and milk conductivity before clinical diagnosis of ketosis, and acidosis. *Vet. Med. Zoot.* **2015**, *70*, 1392–2130. Available online: <https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2015/70/pdf/antanaitis.pdf> (accessed on 25 January 2022).
24. Agricultural Information and Rural Business Centre. *Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2016–2017, No 80*; Ministry of Agriculture of the Republic of Lithuania: Vilnius, Lithuania, 2017.
25. Juozaitienė, V. *Genetic Evaluation Model of Calf Mortality and General Calving Creating an Index of Features*; Lithuanian University of Health Science: Kaunas, Lithuania, 2015. Available online: https://zum.lrv.lt/uploads/zum/documents/files/LT_versija/Veiklos_sritys/Mokslas_mokymas_ir_konsultavimas/Moksliniu_tyrimu_ir_taikomosios_veiklos_darbu_galutines_ataskaitos/LSMU%20verseliu%20mirtingumas.pdf (accessed on 25 January 2021).
26. Sørensen, L.P.; Pedersen, J.; Kargo, M.; Nielsen, U.S.; Fikse, F.; Eriksson, J.Å.; Pösd, J.; Stephansen, R.S.; Aamand, G.P. Review of Nordic Total Merit Index Full Report November 2018. Available online: <https://nordicebv.info/reports/> (accessed on 25 January 2021).
27. Egger-Danner, C.; Cole, J.B.; Pryce, J.E.; Gengler, N.; Heringstad, B.; Bradley, A.; Stock, K.F. Invited review: Overview of new traits and phenotyping strategies in dairy cattle with a focus on functional traits. *Animal* **2015**, *9*, 191–207. [[CrossRef](#)]
28. Krupová, Z.; Krupa, E.; Michalíčková, M.; Wolfová, M.; Kasarda, R. Economic values for health and feed efficiency traits of dual-purpose cattle in marginal areas. *J. Dairy Sci.* **2016**, *99*, 644–656. [[CrossRef](#)]
29. Halasa, T.; Huijps, K.; Østerås, O.; Hogeveen, H. Economic effects of bovine mastitis and mastitis management: A review. *Vet. Q.* **2007**, *29*, 18–31. [[CrossRef](#)]
30. Koeck, A.; Miglior, F.; Kelton, D.F.; Schenkel, F.S. Short communication: Genetic parameters for mastitis and its predictors in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* **2012**, *95*, 7363–7366. [[CrossRef](#)]
31. Griffiths, B.E.; White, D.G.; Oikonomou, G. A Cross-Sectional Study Into the Prevalence of Dairy Cattle Lameness and Associated Herd-Level Risk Factors in England and Wales. *Front. Vet. Sci.* **2018**, *5*, 65. [[CrossRef](#)]
32. Ozsvári, L. Economic Cost of Lameness in Dairy Cattle Herds. *J. Dairy Vet. Anim. Res.* **2017**, *6*, 283–289. [[CrossRef](#)]
33. Bazer, F.; Lamb, G.C.; Wu, G. *Animal Agriculture. Sustainability, Challenges and Innovations*; Academic Press: Cambridge, MA, USA, 2019; ISBN 9780128170533. Available online: <https://www.elsevier.com/books/T/A/9780128170526> (accessed on 15 February 2022).
34. Mahnani, A.; Sadeghi-Sefidmazgi, A.; Keshavarzi, H. Performance and financial consequences of stillbirth in Holstein dairy cattle. *Animal* **2018**, *3*, 617–623. [[CrossRef](#)]
35. Santman-Berends, I.M.G.A.; Schukken, Y.H.; Van Schaik, G. Quantifying calf mortality on dairy farms: Challenges and solutions. *J. Dairy Sci.* **2019**, *102*, 6404–6417. [[CrossRef](#)]
36. Miglior, F.; Fleming, A.; Malchiodi, F.; Brito, L.F.; Martin, P.; Baes, C.F. A 100-year review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* **2017**, *100*, 10251–10271. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
37. Juškiene, V.; Šveistiene, R.; Marašinskiene, Š.; Nyman, S. Phenotypic recording of dairy cattle. *Interbull* **2021**, 1–16. Available online: https://interbull.org/static/web/Rediverse_countries_report_phenotypic_information.pdf (accessed on 12 February 2022).



Article

Genetic Variability and Conservation Challenges in Lithuanian Dairy Cattle Populations

Šarūnė Marašinskienė *, Rūta Šveistienė , Violeta Razmaite , Alma Račkauskaitė and Violeta Juškienė

Animal Science Institute, Lithuanian University of Health Sciences, R. Žebenkos 12, LT 82317 Baisogala, Lithuania; ruta.sveistiene@ismuni.lt (R.Š.); violeta.razmaite@ismuni.lt (V.R.); alma.rackauskaite@ismuni.lt (A.R.); violeta.juskiene@ismuni.lt (V.J.)

* Correspondence: sarune.marasinskiene@ismuni.lt

Simple Summary: Due to the widespread adoption of commercial cattle breeds worldwide, the population size of native cattle breeds has declined dramatically. Therefore, the purpose of the present study was to investigate the genetic variability of Lithuanian cattle open populations, as well as the old genotypes, which are currently under a conservation program. The genetic variability was estimated using the number of founders, pedigree completeness, number of males and females in reproduction and age distribution, generation interval, inbreeding coefficient and effective population size. This study made it possible to compare old genotype Lithuanian dairy cattle breeds with commercial, more productive populations and highlight some traits useful in breeding programs.

Abstract: The purpose of the study was to investigate the genetic variability of open Lithuanian Red and Red-and-White (LRWP) and Lithuanian Black-and-White (LBWP) dairy cattle populations and indicate the differences from the old genotypes of Lithuanian Black-and-White (LBW) and Lithuanian Red cattle (LR), which are currently under a conservation program. In order to gain a better understanding of the populations under conservation and to minimize the potential influence of other breeds, a distinct subgroup was formed that comprised animals whose father and mother belonged to the same breed (LR_pure and LBW_pure). The genetic variability was estimated using the number of founders, pedigree completeness, number of males and females in reproduction and age distribution, generation interval (GI), inbreeding coefficient (F) and effective population size (Ne). The highest average pedigree completeness values in the second generations of the old genotype LR and LBW were 100%. Higher ages of females in the populations under conservation were related to a higher GI and their longer life expectancy. In 2021, the reproductive age of bulls used for insemination within these populations ranged from 5.1 to 27.8 years. The proportions of males producing offspring in their older age indicate that the semen was used from the national gene bank of commercial artificial insemination companies. The GI (>5) in LR and LBW females was higher than that in LRWP and LBWP. The analysis of the data over the 15-year period showed that the GI of males in LRWP and LBWP decreased equally by 38%, while in LR_pure population, it increased by 80%. A high (9.24%) average inbreeding coefficient (F) was found in inbred animals of LR_pure population, while in LBW_pure, it was 5.35% in 2021. The coefficient of inbreeding varied within the different cattle populations. In the open LR population, it ranged from 1.48% to 2.7%, while in the LRWP population, it fell between 2.12% and 3.72%. The lowest effective population size (Ne) concerning the rate of inbreeding was observed in LBW_pure (23) and LR_pure (59), with the highest Ne identified in the LBWP population (462). When considering Ne based on the number of parents, LR_pure displayed the lowest Ne (42), while the highest Ne was found in LBWP (4449). An analysis of local cattle populations reveals that LR faces the most critical situation. This particular population has been steadily declining for a number of years, necessitating additional measures and efforts to safeguard the LR's ancestral genetic makeup. The results of the LBWP analysis also highlight a concerning trend. Even in very large populations with open breeding programs, the effective population size per generation can experience a significant decrease.



Citation: Marašinskienė, Š.; Šveistienė, R.; Razmaite, V.; Račkauskaitė, A.; Juškienė, V. Genetic Variability and Conservation Challenges in Lithuanian Dairy Cattle Populations. *Animals* **2023**, *13*, 3506. <https://doi.org/10.3390/ani13223506>

Academic Editors: Michael E. Davis and Félix Goyache

Received: 3 August 2023

Revised: 27 October 2023

Accepted: 8 November 2023

Published: 13 November 2023



Copyright: © 2023 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Keywords: Lithuanian dairy cattle; local breeds; pedigree analysis; inbreeding; effective population size

1. Introduction

The global cattle population is highly diverse ranging from breeds specialized for very high milk production to numerous local breeds adapted to local conditions [1]. Native cattle breeds are important genetic resources considering their adjustment to the native environment in which they are bred [2]. However, due to the widespread adoption of commercial cattle breeds worldwide, the population size of native cattle breeds has declined dramatically. At the beginning of the 20th century, there were approximately 230 breeds of cattle in Western Europe, of which 70 have already become extinct, and another 53 are endangered [3]. Genetic diversity is very important from both the economic and environmental points of view, as it allows the genetic improvement of an animal's production traits [4,5], while the effective population size (N_e) is a key parameter in population genetics. It has important applications in evolutionary biology, conservation genetics and plant and animal breeding, because it measures the rates of genetic drift and inbreeding and affects the efficacy of systematic evolutionary forces, such as mutation, selection and migration [6,7]. The level of inbreeding in dairy cattle has received attention since the first half of the last century [8,9]. The population structure determines the development of inbreeding [10], and inbreeding becomes very important when breeding small populations [11,12]. However, the accumulation of inbreeding and the loss of genetic diversity in modern dairy cattle breeds is a potential problem [9].

Dairy production is a significant agro-food industry in the European Union (EU) [13], as well as in Lithuania, where it represents approximately one-fifth of all agricultural production and holds a priority position within the agriculture sector [14]. The main goal of the dairy cattle sector is to increase the volume of milk production. In Lithuania, the data from milk recording indicate that cow productivity has increased 1.5 times from 2005 to 2021 [15]. Lithuanian Red and Red-and-White and Lithuanian Black-and-White are the main cattle populations raised in Lithuania [16]. The breeds were recognized as independent in 1951. Currently, these populations are being crossed with other breeds to increase the productivity [16]. Uncontrolled crossbreeding has threatened the existence of the original breeds. To avoid the loss of genetic resources, the most typical old genotype animals from Lithuanian Black-and-White and Lithuanian Red cattle breeds were selected and new herd books were created for the breeds' restoration. Since 2005, the animals of Lithuanian Red cattle old genotype and Lithuanian Black-and-White old genotype have been under a conservation program and have been receiving subsidies from the Rural Development Program as critical and endangered breeds [17]. Compensatory payments have helped to conserve the genetic resources and stabilize the numbers of some Lithuanian farm animal breeds by reproducing new herds or animals following special mating rules and schemes in order to minimize inbreeding and preventing the production of highly inbred individuals. The remaining two open populations were further intensively improved. LWBP was improved with American and Canadian Holsteins, as well as Danish and German Black-and-White and British and Holstein Friesians [18], while LRWP was improved with Red-and-White Holstein, Brown Swiss and also Danish Red [19]. It is important to mention that since 1970, Denmark has sourced genetics from various red cattle breeds. These breeds include the US Brown Swiss, followed by the Red Holstein, and beginning in the 1990s, the Swedish Red and White [10]. In 2016, the number of dairy cows in Lithuania began to decrease. In total, from the beginning of 2014 to the middle of 2022, the number of dairy cows decreased by 80,486 heads. The number of registered dairy cow herds decreased, but the average herd size increased from 4.9 to 10.4 animals per herd over the period [14]. There have been a number of studies on the genetic diversity in Lithuanian dairy cattle populations based on pedigrees [19,20], microsatellite polymorphisms [21],

genetic markers [22] and blood groups [23]. However, the genetic status and its changes based on the pedigree data in the two smallest old genotype critical breeds and the two largest commercial cow populations have never received overall assessment. Therefore, the purpose of the present study was to investigate the genetic variability of Lithuanian cattle in open populations (LRWP, LBWP) as well as in old genotype Lithuanian breeds (LR, LR_pure and LBW, LBW_pure).

2. Materials and Methods

The genetic structure was compared between two open (commercial) populations, i.e., Lithuanian Red and Red-and-White (LRWP) and Lithuanian Black-and-White (LBWP), and two old genotype populations, i.e., Lithuanian Black-and-White (LBW) and Lithuanian Red cattle (LR), which currently are under conservation. To obtain a better understanding of the populations which are under conservation and to avoid casual influence of other breeds, we have singled out a separate group of herd books (main chapter) consisting of the animals whose father and mother belong to the same breed (LR_pure and LBW_pure).

The milk performance data of Lithuanian dairy cattle breeds were collected from the productivity reports of Lithuanian Milk-recorded Cow Herds in 2020–2021 [15] and the following parameters were specified for each breed separately: milk production per year, fat (%), protein (%) and number of cows.

The data on the Lithuanian dairy cattle populations were provided by the Centre for Agricultural Information and Rural Business. The input data consisted of the unique identification of all animals: animal ID, sire ID, dam ID, birthdate and sex.

The genetic structure of the cattle populations was analyzed using the following parameters, of which (2–9) were estimated using POPREP 1.0 (<http://popreport.fli.de>, accessed on 12 February 2023) software system [24]:

1. The number of founders in each population at different periods: The number of reproductive males, reproductive females, founders with unknown parents, founders with only females' known parents and founders with only males' known parents in each period.
2. Pedigree completeness: The following formula was used to compute pedigree completeness by MacCluer et al. [25]:

$$I_d = 4I_{dpat}I_{dmat}/I_{dpat} + I_{dmat} \quad \text{and} \quad I_{dk} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i, \quad (1)$$

where k represents the paternal (pat) or maternal (mat) line of an individual, a_i is the proportion of known ancestors in generation i , whereas d is the number of generations considered in the calculation of pedigree completeness. For example, if $d = 5$, then five ancestral generations will be taken into account in the computations. The values for pedigree completeness range from 0 to 1. If all ancestors of an individual to some specified generation (d) are known, then $I_d = 1$, or if one of the parents (i.e., sire or dam) is unknown, $I_d = 0$.

3. The number of males and females in reproduction by the year of offspring birth (births/select), where "births" is the number of males/females with offspring in a given year. "Select" represents animals born in a given year that became parents later on and determined the subset. "Select" represents the number of males and females represented in this subset.
4. Age distribution of males and females in reproduction by the year of birth of their offspring presents the average age of all male/ female parents.
5. Generation interval: According to Falconer and Mackay [26], the generation interval is defined as the average age of the parents at the birth of their selected offspring. It was calculated by taking the age of each of the parents at the birth of its offspring and averaging it over the age of all parents [24]. In the calculation of generation interval, an offspring is considered selected if it has produced at least one progeny.

The generation intervals of males and females in the pedigree were calculated for each respective breed.

- The inbreeding coefficient was calculated according to Wright’s [27] formula:

$$F_X = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+n'+1} (1 + F_a) \right] \tag{2}$$

where F_X is the inbreeding coefficient of the animal in question; n and n' represent the number of generations between the sire and dam, respectively, and their common ancestors; and F_a is the inbreeding coefficient of the ancestor common to both the sire and the dam.

- This study presents four methods for estimating the effective population size (Ne). For details, see Groeneveld et al. [24,28] and Gutiérrez et al. [29]. Based on the rates computed, the Ne is estimated as $Ne = 1/2 \times \Delta F^*$ for the pedigree-based methods (Table 1):

Table 1. Methods for estimating effective population size from PopRep.

Methods	Cascade	Formula	Description
Ne- ΔF_p	Animals and their parents born in generation t	$\Delta F_p = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$	F_t = ∞ inbreeding coefficient of offspring, F_{t-1} = ∞ inbreeding coefficient of direct parents [26]
Ne-Cens	Parents of animals born in generation t	$Ne = 4N_m \times N_f / (N_m + N_f) \times 0.7$	N_m = number of males per generation, N_f = number of females per generation [30]
Ne-Coan	Animals born in generation t + 1 and t	$\Delta f_g = (f_t - f_{t-1}) / (1 - f_{t-1})$	f_t = additive genetic relationship (AGR), f_{t-1} = ∞ AGR of parents [26]
Ne-Ecg	Animals with their complete ancestors born in generation t	$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$	Ecg = sum of all known ancestors with $1/2^t$, F_i = individual inbreeding coefficient [28]

Ne- ΔF_p —based on the rate of inbreeding; Ne-Cens—based on the number of parents; Ne-Coan—based on the co-ancestry; Ne-Ecg—based on the regression on equivalent generations. Cascade—PopRep cascade for determining effective population size.

3. Results

3.1. Number of Cows and Milk Performance Data

Tables S1 and S2 depict the changes in the populations of various cattle breeds since the year 2000. As of 2021, the Lithuanian Red and Red-and-White cows (LRWP) constituted 26% of the total dairy cow population in Lithuania, with Lithuanian Red representing the majority of the Lithuanian Red and Red-and-White population at 83.99%. Following these were Ayrshire at 5.34%, Holstein at 4.12%, Swedish Red-and-White at 2.73% and other dairy breeds at 3.82%. In contrast, the Lithuanian Black-and-White population (LBWP) accounted for 73% of the total, with the majority (63.26%) being Holsteinized Lithuanian Black-and-White cows, followed by Holstein at 35.74% and other breeds at 1%. However, the two remaining breeds under the conservation program, namely the Lithuanian Black-and-White old genotype (LBW) and Lithuanian Red old genotype cattle (LR), make up a minimal 0.08% and 0.04% of the overall number of dairy cows, respectively.

Milk performance data were collected from the productivity reports of Milk Recorded Cow Herds [15] in 2020–2021 and are shown in Table 2. The analysis of the milk performance data indicated that the highest average milk productivity was found for LRWP with 8651 kg per standard lactation and the lowest for LBW with 7004 kg. However, it should be underlined that LR and LBW average milk productivity in the main herd book section is very low (LR—5440 kg, LBW—6344 kg) because only purebreds are recorded in this section.

Table 2. Number of cows and milk production per year in Lithuanian dairy breeds (2021).

Breed	Production Data	Milk, kg	Fat, %	Protein, %	Number of Cows
LRWP	Herd book	8651	4.32	3.5	34,256
LBWP	Herd book	8284	4.34	3.41	94,272
LR	Herd book	8330	4.60	3.60	50
LR_pure	in main section *	5440	4.19	3.49	10
LBW	Herd book	7004	4.49	3.42	995
LBW_pure	in main section *	6344	4.41	3.38	564

* Mother and father are from the same breed.

3.2. Number of Founders

The analysis of Lithuanian dairy cattle pedigree records showed that in the last period (2016–2020), a higher number of founders with unknown parents (N1) was present in LBWP. Quite a large number of founders with only female's known parents (N2) was present in LBW even in the recent period when the conservation program was approved (Table S3).

3.3. Composition of Pedigree, Pedigree Completeness and Generation Intervals

The composition of pedigree records and pedigree completeness is shown in Table 3. All animals, including parents, grandparents and all known ancestors, were born between 1944 and 2022.

Table 3. Composition of pedigree records and pedigree completeness index (PCI) for the last birth year (2021).

Breeds	Time Period	Number of Animals in Pedigree	Pedigree Completeness Index					
			PCI1	PCI2	PCI3	PCI4	PCI5	PCI6
LRWP	1946–2021	313,214	1.0	0.944	0.908	0.881	0.841	0.8
LBWP	1944–2021	354,201	1.0	0.967	0.946	0.932	0.908	0.88
LR	1959–2022	1266	0.938	0.938	0.925	0.904	0.818	0.725
LR_pure	1959–2021	974	1.0	1.0	0.962	0.902	0.79	0.684
LBW	1961–2022	9058	1.0	0.918	0.864	0.814	0.758	0.693
LBW_pure	1961–2022	5260	1.0	1.0	0.980	0.942	0.89	0.815

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book. PCI 1–6 = PCI for pedigree depths of 1 to 6 generations.

Upon analysing the total data set for average pedigree completeness (%) for one to six generations deep by year, the average pedigree completeness for the first generation of ancestors was determined to be 100% in all six breeds, except for LR (93.8%). The average pedigree completeness values for the second and third generations were from 86.4% to 100%. As expected, the average pedigree completeness for the following generations progressively decreased; however, the absolute levels varied. The average pedigree completeness values for the fourth and fifth generations were 90.0 and 83.0%, respectively. The lowest average pedigree completeness in the sixth generation was found in LR_pure and LBW.

Table 4 presents the number of males and females in reproduction by the year of offspring birth (births/select). In the last sixteen years, the number of birth males for modern populations differ from each other. In LRWP, the number of males (birth) increased by 33%, while in LBWP, it decreased by 24%. The number of females used to produce offspring increased by 63% for LRWP and even 5.3-times more for LBWP during the analysed years (2005–2021). The analysis of the number of males in reproduction by the year of offspring birth in the populations under the conservation program showed a different situation over the sixteen-year period: LR_pure and LBW_pure decreased by 58 and 67%, respectively, while LBW increased by 31%. The analysis of the females used to produce offspring showed a tendency to increase in LRWP, LBWP, LBW and LBW_pure. The lowest

number of females selected to produce their female offspring for the next generation was found in the purebred LR population and accounted for only 46% in 2005–2015, while the number in pure LBW amounted to 70%. The selection in open populations was higher and averaged 84% in LBWP.

Table 4. The number of males and females in reproduction by year of offspring birth (birth/selected).

Year	Breed					
	LRWP	LBWP	LR	LR_pure	LBW	LBW_pure
Male						
2005	382/354	908/831	19/17	12/10	61/60	33/31
2009	388/359	764/706	10/10	4/4	47/45	24/23
2015	517/457	789/738	18/15	12/7	94/76	30/14
2020	528/183	670/295	9/4	3/3	71/13	9/4
2021	508/-	694/-	14/-	5/-	80/-	11/-
Female						
2005	11,279/6298	7498/6795	41/20	32/11	167/161	105/95
2009	9945/6145	9751/8575	15/12	9/6	216/170	140/107
2015	12,255/7175	17,623/13132	32/21	20/8	479/287	245/108
2020	16,889/1468	31,417/3367	36/6	10/3	498/27	183/6
2021	18,338/-	39,804/-	45/-	15/-	537/-	130/-

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book. In each column, the first number shows the number of animals born, and the second number represents the number of animals selected to produce offspring.

The information about the average age distribution of males and females in reproduction by the year of their offspring birth is presented in Table 5. In 2021, the reproductive age of the bulls used for insemination of the females within these populations ranged from 5.1 to 27.8 years. The maximum average age of males used for reproduction was found in LR_pure, i.e., as much as two-times higher than that in LR. In LBW_pure, it was 8.5 and in LBW, 5.1 years. From 2005 to 2021, the average age of females in LRWP, LBWP, LR_pure and LR decreased by 20, 14, 26 and 35%, respectively, whereas in LBW_pure and LBW, it increased by 18 and 7%, respectively.

Table 5. Average age distribution of males and females in reproduction by year of their offspring birth.

	Year	LRWP	LBWP	LR	LR_pure	LBW	LBW_pure
Male	2005	7.7	6.0	9.4	9.5	7.3	8.3
	2009	8.0	6.6	11.5	14.0	7.7	8.3
	2015	6.5	5.6	8.7	10.9	4.9	7.5
	2020	5.7	5.2	14.7	31.0	5.6	7.9
	2021	5.5	5.2	13.0	27.8	5.1	8.5
Female	2005	4.1	3.7	5.1	5.0	4.2	4.4
	2009	3.9	3.7	7.3	7.2	5.3	6.0
	2015	3.5	3.4	3.4	3.5	3.7	4.1
	2020	3.3	3.2	3.8	4.5	4.4	4.9
	2021	3.3	3.2	3.3	3.7	4.5	5.2

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book.

The generation interval by the year of birth and gender of each breed are presented in Table 6. The average generation intervals in the present study differed within each breed. The analysis of the 15-year results in open populations indicated that the generation

interval of the male in LRWP and LBWP decreased uniformly by 38%, while that of the females decreased by 26 and 19%, respectively.

Table 6. Generation interval distribution of males and females.

	Year	LRWP	LBWP	LR	LR_pure	LBW	LBW_pure
Male	2005	9.4	8.2	8.9	8.6	9.3	10.1
	2009	8.5	8.7	14.2	16.6	9.7	10.7
	2015	7.8	7.4	10.1	15.5	4.7	5.5
	2020	5.8	5.1	-	-	-	-
Female	2005	4.6	4.2	4.4	4.0	4.6	4.7
	2009	4.4	4.3	7.8	7.7	5.6	6.3
	2015	4.0	4.0	3.8	4.0	3.8	4.5
	2020	3.4	3.4	-	-	-	-

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book.

Across the years included in this study, the biggest positive change was found in LR and LR_pure breeds, where the generation interval of the males increased by 13 and 80%, respectively. The generation interval of the males for LBW and LBW_pure breeds from 2005 to 2015 decreased by 50 and 46%, respectively.

3.4. Inbreeding

Shown in Table 7 are the number of inbred animals and the average inbreeding coefficients in the open and closed populations.

Table 7. Number of inbred animals and average inbreeding coefficient (2005–2021).

	Year	LRWP		LBWP		LR		LR_pure		LBW		LBW_pure	
		N	F	N	F	N	F	N	F	N	F	N	F
F of all animals by year	2005	11,541	0.0098	7726	0.0143	41	0.0008	32	0.0010	170	0.0044	170	0.0042
	2009	10,097	0.0105	9972	0.0191	15	0.0333	9	0.0556	221	0.0065	143	0.0061
	2015	12,510	0.0173	18,011	0.0266	33	0.0055	20	0.0088	489	0.0187	249	0.0171
	2020	17,441	0.0269	32,470	0.0352	38	0.0045	10	0.0018	516	0.0336	188	0.0349
	2021	19,010	0.0265	41,226	0.0369	48	0.0129	15	0.0370	551	0.0416	135	0.0507
F of inbred animals by year	2005	6463	0.0175	5235	0.0212	1	0.0313	1	0.0313	43	0.0173	30	0.0148
	2009	7187	0.0148	8417	0.0226	2	0.2500	2	0.2500	73	0.0198	48	0.0181
	2015	11,141	0.0194	17,088	0.0280	6	0.0304	4	0.0439	393	0.0233	215	0.0198
	2020	16,773	0.0280	32,046	0.0357	12	0.0142	1	0.0176	465	0.0373	181	0.0362
	2021	18,595	0.0271	40,820	0.0372	26	0.0238	6	0.0924	504	0.0455	128	0.0535

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book. N—number of inbred animals; F—average inbreeding coefficient.

The average inbreeding coefficient (F) in 2021 showed that the estimated inbreeding level (of all animals by year) in LR_pure was 2.4% higher than in LR, whereas in LBW_pure, it was 0.91% higher than in LBW. The estimated inbreeding level in 2021 in LBWP was 1% higher than in LRWP. The highest inbreeding coefficient was found in LBW_pure and was slightly lower in LR_pure and the lowest in LRWP and LBWP. The average estimated inbreeding coefficient indicates that inbreeding is increasing in all populations. Due to a very small number of individuals available in the population, the average inbreeding coefficient (F of inbred animals by year) in breeding the old genotype cattle in 2021 was 9.2 in LR_pure and 5.35% in LBW_pure populations. These results show that small closed populations are prone to uncontrolled increase of inbreeding, which is difficult to avoid.

3.5. Effective Population Size

Table 8 shows the results of the analyses using two methods to determine the effective population size (Ne) based on pedigree data: efficiency index based on the rate of inbreeding and on the number of parents. The differences between those two methods can be seen in all the analysed breeds. The highest effective population size (Ne) based on the rate of inbreeding in 2021 was found in LBWP (462), followed by LR with 103, which is 4.5-times lower than that of LBWP, and the lowest were those of LRWP (68), LR_pure (59), LBW and LBW_pure (23). In this analysis, Ne based on the number of parents differs between all the breeds. The highest Ne was estimated for LBWP, followed by LRWP.

Table 8. Effective population size based on the rate of inbreeding Ne (ΔF) and number of parents Ne.

		LRWP	LBWP	LR	LR_pure	LBW	LBW_pure
Ne (ΔF)	2005	90	-	-	-1158	171	100
	2009	-	-	195	168	659	219
	2015	100	217	253	95	46	42
	2020	67	211	106	70	25	27
	2021	68	462	103	59	23	23
Ne	2005	2857	6209	164	138	468	305
	2009	2985	5585	156	107	442	298
	2015	3954	4962	150	71	746	342
	2020	3923	4640	117	50	659	204
	2021	3855	4449	107	42	633	163

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; Ne (ΔF)—effective population size based on the rate of inbreeding; Ne—effective population size based on the number of parents; —negative values.

It is worth noting that the effective population size (Ne) of LBWP decreased by 28% over the period from 2005 to 2021, while the Ne of LRWP increased by 35%. When we conducted an Ne analysis based on the number of parents for the old local dairy breeds, we found that in 2021, LBW had the highest Ne with 633 individuals. In the same year, LBW_pure had an estimated Ne of 163, while LR_pure and LR had the lowest Ne values of 107 and 42, respectively. An examination of changes over the years under study revealed that Ne estimates for LR, LR_pure and LBW decreased by 70%, 35% and 47%, respectively. However, the Ne estimates for LBW, one of the breeds under conservation, increased by 26% from 2005 to 2021. Although some of the effective population sizes were negative according to Table 8, it is possible as a result of immigrants into the population [24].

At the end of 2021, the effective population size, based on the Ne-Coan (Table 9), was calculated for LR_pure, LR, LBW and LRWP and was found to be 10, 29, 28 and 121, respectively.

Table 9. Effective population size based on Ne-Coan method.

Years	LRWP *	LBWP	LR *	LR_pure *	LBW *	LBW_pure
2017	231	60	155	54	125	34
2018	142	45	118	35	53	15
2019	120	41	71	22	33	12
2020	120	43	42	13	30	10
2021	121	58	29	10	28	10
Data history	2018–2027	2019–2026	2016–2029	2016–2029	2018–2027	2017–2028

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book. * Proposed based on the PopRep program.

The effective population size based on the Ne-Ecg method for all breeds is presented in Table 10. In 2017–2021, the effective population size based on regression on equivalent generations decreased in all the breeds. The highest decrease (71%) was found in LR_pure and the lowest (20%) in LBWP.

Table 10. Effective population size based on the Ne-Ecg method.

Years	LRWP	LBWP	LR	LR_pure	LBW	LBW_pure
2017	67	98	457	277	56	73
2018	59	93	280	181	47	68
2019	54	89	219	128	38	64
2020	48	83	224	124	34	60
2021	44	79	168	79	31	53
Data history	1946–2022	1944–2022	1959–2022	1959–2022	1961–2022	1961–2022

LRWP—Lithuanian Red and Red-and-White; LR—all old genotype Lithuanian Red cattle; LR_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book; LBWP—Lithuanian Black-and-White; LBW—all old genotype Lithuanian Black-and-White cattle; LBW_pure—only purebred cattle included in the main section of herd book.

4. Discussion

Demographic data play a vital role in assessing the risk status of livestock breeds, which is a critical step in strategically planning the effective management of farm animal genetic resources [31]. The cattle selected for the conservation program, like old genotype animals from Lithuanian Red and Lithuanian Black-and-White populations, were entered into the herd book together with other animals from LBWP and LRWP until 2007. This prevented proper monitoring of animals with lower income than international breeds. Therefore, animals with old genotypes were separated and marked by different breed codes. With the aim of getting a clearer view of the conservation work, in 2019, new breeding programs were approved with stringent requirements for pure breeding, aimed at providing a clearer perspective on the conservation efforts. Consequently, the primary section of the herd book presented vital data essential for analysing individual breeds. In connection with the open population of Lithuanian Black-and-White cattle, in 2021, a decision was made that cattle with more than 75% Holstein would be attributed to Holstein population. Therefore, the number of Holsteins in Lithuania increased and that of Lithuanian Black-and-Whites decreased.

Income generated from the production of native cattle breeds is not competitive when compared to that of commercial breeds and falls short of meeting the demands of both farmers and the market. The milk performance data showed that the productivity of LRWP in the main section of the herd book per standard lactation was 7751 kg, i.e., 2135 kg less compared with Red-and-White Holsteins. The productivity of LBWP amounted to 8335 kg milk, and this was 1321 kg less compared with Black-and-White Holsteins also bred in Lithuania. Significantly lower milk production results in the main herd book were found for pure populations under the conservation program: LR_pure with 5440 kg and LBW with 6344 kg. According to Paura et al. [32], the milk productivity of the local Latvian Brown (LB) population is very similar (5302 kg per standard lactation) to the old genotype Lithuanian Red (LR) cows. Significantly lower milk yields of local breeds are partly counterbalanced by advantages in longevity, fertility and health traits [33]. Other authors have also highlighted additional significant differences of morphological traits between the breeds [34,35]. A previous study [36], in which the economic values (EVs) of functional traits for the three Lithuanian dairy cattle breeds were derived, indicated that the economic values of energy corrected milk (ECM) were 0.16 €/kg for Lithuanian Black-and-White open population (LBW) and Lithuanian Red open population (LR) and 0.21€/kg for Lithuanian Red old genotype (LROG). The higher EV for LROG was caused by a lower feed intake and a lower milk yield, compared with LR and LBW, as it was assumed that a larger proportion of concentrated feed was needed to ensure the increased milk yield [36]. In practice,

environmental and economic factors, such as poor housing system, inadequate feeding, heat stress and low milk prices, play a key role in the survival of the herd and influence the length of the productive life of cows [37,38].

The productivity reports of Lithuanian Controlled Cow Herds [39] indicate that until 2000, there were so-called Red cattle. After 2000, this breed was renamed Red, Red and White. The lowest average pedigree completeness was found for the old LR and LBW populations. This could be explained by the permission to enter crossbred animals or animals without full pedigree into a traditional part of the herd book [40]. Meanwhile, when analysing only purebred cattle, the average completeness of pedigree across all six generations was determined to be higher for LR_pure with 89.0% and LBW_pure with 94.0%. Paura et al. [32] analysed two local Latvian breeds and determined similar pedigree completeness for Latvian Brown (LB) (94.23%) and Latvian Blue (LZ) (90.7%). These results were influenced by a long history of recording LB animals and by a relatively short period of LZ registration as a breed. In a study focused on endangered Spanish breeds, a lower pedigree completeness level of 82.76% was observed in 'Berrenda en Negro' and 79.57% in 'Berrenda en Colorado' [41]. According to Addo et al. [42], the estimated pedigree completeness showed that within the local German breeds, the Angler pedigree was approximately 90.0% complete, which was higher than that of the Red-and-White dual-purpose cattle in the first parental generation. The knowledge of pedigree completeness is very important, because the level of inbreeding within a breed is dependent upon the pedigree completeness of that breed and a large fraction of missing parents in a pedigree may cause serious underestimation of the inbreeding level and the associated losses arising from inbreeding [43,44].

The results of the present study showed that the average generation completeness of LRWP in six generations was higher (90%) than that of Spanish cattle, but lower than that of Latvian Brown cattle. During 2005–2021, the number of males and females used for open populations tended to increase. A long period between males producing their offspring for a new generation and a 10–16-year generation interval in both populations under the conservation program indicate that the semen from the old approved bulls in the gene bank was used for breed restoration. The data of the generation interval from open populations differ because of their intensive breeding. Lithuanian old genotype breeds have a very low number of males and females used to produce offspring and these results generally agree with the earlier analysis of local cattle populations, which showed that the old genotype Red cattle maintained in one herd at the LUHS Institute of Animal Science are in the most critical condition [17]. Activities on LBW restoration began in 2009, when eight bulls (the semen of which was still kept at breeding institutions) were selected for the breeding and conservation program.

The comparison of the populations under different breeding programs showed that the average reproductive age of females and males is higher in the populations under conservation. This can be explained by the use of artificial insemination, as semen can be used for many years after it is collected, thereby causing a large average age of LR males. The use of artificial insemination means that bulls can still be used, as their semen is preserved for many years, thereby eventually causing a large reproductive age. A higher age of females in the populations under conservation is probably related to the fact that the longevity of these cows is greater than that of highly productive cows [37]. According to Buonaiuto et al. [35], the genetic improvement of only milk production characteristics has led to the deterioration of functional traits, such as longevity and fertility. Therefore, nowadays, the breeding objective includes economically relevant traits that are not directly related to milk productivity. The dual-purpose Simmental cows with an intermediate body condition score (BCS)/muscularity are more likely to stay in the herds after the third lactation compared to those presenting a lower BCS/muscularity. This ability of cows to stay in the herd longer can be associated with their intermediate BCS/muscularity [34]. According to Adamczyk [37], cows that have lower milk yields (including the cows belonging to the so-called local breeds) are usually characterized by higher longevity. The

proportions of males producing offspring in their older age indicate that males are used in reproduction longer than females. Paura et al. [32] stated that the generation interval of the male is influenced by the AI age of the male. This was also reflected in our study, and the results suggest that the generation interval is influenced by age. Since 2010, the average age of active AI bulls of the Latvian Brown breed has ranged between 13.3 and 24.6 years, and the generation interval of males ranged from 14.0 to 20.8 years. In our case, the trend was repeatedly confirmed that the age of males and females is influenced by the generation interval calculated using the average ages of the male and female parents. Sorenson et al. [10] reported that the generation interval of Danish Red was 5.0 (1997–1998) and 4.8 (2001–2003) years and of Danish Holstein, 5.0 (1983–1992) and 4.6 (1993–2003) years. A higher generation interval (6.66 years) was estimated in Irish Holstein Friesian in 2004 [42], while in our case, the generation interval for LBWP female was on average 4 years and similar to LRWP. However, the average generation interval in LR and LBW cattle populations, which are under the breed restoration program, is more than 5 years (2005–2015).

Due to a very small number of individuals available in the populations, the average inbreeding coefficient (F) of inbred animals in 2021 in the LR_pure cattle population was very high. Therefore, the work in small, closed populations demanded individual selection of pairs. The situation is better in large open populations, but even in these populations, special different breeding programs are applied. The inbreeding coefficient in the open Lithuanian Red cattle population varies from 1.48 to 2.7% and in the Holstein population, from 2.12 to 3.72%. Similar data were reported by Addo et al. [42] in German breeds. The inbreeding coefficient of inbred individuals in German Angler (RVA) was 2.19%, and in Red-and-White dual-purpose (RDN) cattle population, it was 1.94%. Our study showed that the number of inbred individuals was lower in the populations under conservation. Inbred individuals in LR_pure and LBW_pure groups accounted for 40 and 75%, respectively, while in open populations, more than 98% of the animals were inbred. In a study by Addo et al. [42], it was found that 64% of individuals in the RVA breed and 21% in the RDN breed exhibited inbreeding. This can be attributed to the fact that larger populations tend to experience uncontrolled increases in inbreeding due to the higher priority given to increasing productivity. The need to manage inbreeding in closed populations of animals such as domestic pets, captive populations of wildlife or farmed livestock has been further emerging in international policy through individual national efforts as well as guidance from regulatory bodies such as the United Nations Farm Animal Organization [42].

The effective population size (N_e) is one of the most commonly used indicators of genetic diversity, and for animal breed conservation purposes, it can be defined in various ways [24,29,45,46]. The effective population size based on the inbreeding rate of the LBW population did not reach the recommended minimum N_e (50–100) [47]. The high inbreeding levels were influenced by an 87% decrease in the number of males in reproduction in the period between 1991 and 2020. The N_e determined for the populations analysed by Sorensen et al. [10] were 49, 53 and 47 for Holstein, Jersey and Danish Red, respectively. More recent findings are based on the studies by Paura et al. [32], who indicated that in 2015–2019, the effective population size based on inbreeding was 112 for the Latvian Brown breed. The higher the effective population size, the lower is the loss of diversity and inbreeding increase with negative consequences. The current recommendation of the United Nations Farm Animal Organization (FAO) is to maintain breeds with a maximum rate of accumulation of 1% inbreeding per generation. In order to achieve this, it is necessary to maintain a minimum N_e of 50 animals (the rate of inbreeding $\Delta F = 1/2N_e$) [28]. In 2021, the highest effective population size (N_e (based on the number of parents) was determined in LBWP (4449) and LRWP (3855) and the lowest in LR_pure (42). This is in agreement with the authors who demonstrated that breed formation could reduce the effective population size [1]. According to Paura et al. [32], N_e based on the parents for the Latvian Brown breed was 186. The effective population size, estimated using the Ne-Coan method, exhibited a decrease across all the breeds, and in 2017–2021, the most substantial accounting of 81%

was registered in LR_pure and LR breeds, while the lowest 3% decrease was found in LBWP. Similarly, estimates based on the Ne-Ecg method also demonstrated a decrease in effective population size in all the breeds, with the most significant decreases observed in the LR_pure and LR breeds, amounting to 71% and 63%, respectively. The lowest decrease (20%) in effective population size was observed in the LBWP. This study illustrates that the current breeding strategies can result in the depletion of genetic diversity in both small and large populations of cattle.

Due to the successful implementation of the conservation program, the LBW population became more consolidated and considerably more herds were established. However, the strategy of LR conservation is based on animal concentration in one conservation herd and imposes a higher risk of genetic diversity loss compared to the increased fragmentation of the population. Moreover, small closed populations are prone to inbreeding increase due to a small number of bulls and their semen availability in AI centres. Historical data show that subsidies given for the conservation program of the animals included in the herd book together with not separating crossbred cows from purebred native cows leads to a lower rate of inbreeding and prevents the loss of genetic diversity due to genetic drift.

5. Conclusions

Lithuanian native cattle breeds have been declining to a critical level for a number of years. The analysis of milk performance showed that milk productivity is lower in both old genotype cattle breeds in comparison with the respective breeds in open populations. It is important to note that though pure old genotype LR and LBW cattle demonstrate significantly lower productivity, their longevity is much higher. Lithuanian Red and Lithuanian Black-and-White old genotype cattle exhibited lower pedigree completeness, higher inbreeding levels and lower effective population size compared with open populations. Old genotype animals, recorded in the main section of herd books, demonstrated higher pedigree completeness compared with their populations. These results have been achieved due to the impact of the current genetic resource conservation and selection program. Even in very large populations with an open breeding program, the effective population size per generation can decrease drastically.

The analysis of local cattle populations revealed that the LR breed remains in critical condition in terms of small numbers. As a result, conservation programs are of utmost importance and should be continued with a strong emphasis on improving pedigree completeness and effective population size, managing the inbreeding coefficient and optimizing the generation interval.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: <https://www.mdpi.com/article/10.3390/ani13223506/s1>. Table S1. Annual counts of various cow breeds in Lithuanian Red and Red-and-White Cattle (2000–2021), Table S2. Annual counts of various cow breeds in Lithuanian Black-and-White Cattle (2000–2021), Table S3. The number of founders in Lithuanian dairy cattle breeds in different time periods.

Author Contributions: Conceptualization, Š.M. and R.Š.; methodology, Š.M. and R.Š.; software, Š.M.; validation, Š.M., R.Š., V.R., A.R. and V.J.; formal analysis, Š.M. and R.Š.; investigation, Š.M. and R.Š.; resources, Š.M. and R.Š.; writing—original draft preparation, Š.M. and R.Š.; writing—review and editing, V.R., A.R. and V.J.; visualization, Š.M. and R.Š. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This research received no external funding.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: The results are available within the article, but the original raw data are not provided in the manuscript.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Hayes, B.J.; Daetwyler, H.D. Annual Review of Animal Biosciences 1000 Bull Genomes Project to Map Simple and Complex Genetic Traits in Cattle: Applications and Outcomes. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* **2019**, *7*, 89–102. [CrossRef] [PubMed]
2. Upadhyay, M.; Eriksson, S.; Mikko, S.; Strandberg, E.; Stålhammar, H.; Groenen, M.A.M.; Crooijmans, R.P.M.A.; Andersson, G.; Johansson, A.M. Genomic relatedness and diversity of Swedish native cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* **2019**, *51*, 56. [CrossRef] [PubMed]
3. Adamczyk, K.; Felenczak, A.; Jamroz, J.; Szarek, J.; Bulla, J. Conservation of Polish Red cattle. *Slovak J. Anim. Sci.* **2008**, *41*, 72–76. Available online: http://www.cvzv.sk/slju/08_2/Adamczyk.pdf (accessed on 25 January 2023).
4. Jarnecka, O.; Bauer, E.A.; Jagusiak, W. Pedigree analysis in the Polish Red cattle population. *Animal* **2021**, *15*, 10023. [CrossRef] [PubMed]
5. Makanjuola, B.M.; Miglior, F.; Abdalla, E.A.; Maltecca, C.; Schenkel, F.S.; Baes, C.F. Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations. *J. Dairy Sci.* **2020**, *103*, 5183–5199. [CrossRef]
6. Wang, J.; Santiago, E.E.; Caballero, A. REVIEW Prediction and estimation of effective population size. *Heredity* **2016**, *117*, 193–206. [CrossRef]
7. Ajmone-Marsan, P.; Boettcher, P.J.; Colli, L.; Ginja, C.; Kantanen, J.; Lenstra, J.A. *Genomic Characterization of Animal Genetic Resources—Practical Guide*; FAO Animal Production and Health Guidelines No. 32; FAO: Rome, Italy, 2023. [CrossRef]
8. Gutiérrez-Reinoso, M.A.; Aponte, P.M.; García-Herreros, M. A review of inbreeding depression in dairy cattle: Current status, emerging control strategies, and future prospects. *J. Dairy Res.* **2022**, *89*, 3–12. [CrossRef]
9. Stachowicz, K.; Sargolzaei, M.; Miglior, F.; Schenkel, F.S. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J. Dairy Sci.* **2011**, *94*, 5160–5175. [CrossRef]
10. Sørensen, A.C.; Sørensen, M.K.; Berg, P. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *J. Dairy Sci.* **2005**, *88*, 1865–1872. [CrossRef]
11. Sonesson, A.K.; Meuwissen, T.H.E. Minimization of rate of inbreeding for small populations with overlapping generations. *Genet. Res. Camb.* **2001**, *77*, 285–292. Available online: <https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/A7DF3B134973BF5C210BAEBBDD285590/S0016672301005079a.pdf/div-class-title-minimization-of-rate-of-inbreeding-for-small-populations-with-overlapping-generations-div.pdf> (accessed on 10 February 2023). [CrossRef]
12. Drobik, W.; Martyński, E. Practical aspects of genetic management of small populations—The Olkusz sheep example. *Acta Agric. Scand.* **2014**, *64*, 36–48. [CrossRef]
13. Reig, M.; Vecino, X.; Cortina, J.L. Use of Membrane Technologies in Dairy Industry: An Overview. *Foods* **2021**, *10*, 2768. [CrossRef] [PubMed]
14. SE Agricultural Information & Rural Business Centre. Lithuanian Agriculture Facts and Figures, Semiannual Statistical Report. 2022, 1. Available online: <https://www.vic.lt/leidiniai/lietuvos-zemes-ukis-faktai-ir-skaiciai-2007-m/> (accessed on 15 February 2023).
15. *Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2020–2021*; LAMMC: Vilnius, Lithuania, 2021; Available online: <https://www.vic.lt/leidiniai/apyskaita/> (accessed on 10 November 2022).
16. Lapickis, R.; Griciuvienė, L.; Aleksandravičienė, A.; Lipatova, A.; Paulauskas, A. Genetic variability of dairy cattle breeds in Lithuania. *Biologija* **2021**, *67*, 188–195. Available online: <https://www.lmaleidykla.lt/ojs/index.php/biologija/article/view/4513/3683> (accessed on 1 February 2023). [CrossRef]
17. Šveistienė, R.; Razmaitė, V. Animal genetic resources in Lithuania. *Slovak J. Anim. Sci.* **2023**, *46*, 131–136. Available online: http://www.cvzv.sk/slju/13_4/13_4_3.pdf (accessed on 7 February 2023).
18. Paulauskas, A.; Griciuvienė, L.; Lapickis, R.; Lipatova, I.; Aleksandravičienė, A.; Ražanskė, I.; Jurgelevičius, V. Genetic variability in Lithuanian Black and White cattle with different proportions of Holstein Bloodline. *Indian J. Anim. Res.* **2023**, *1*, 6. [CrossRef]
19. Petrakova, L.; Kerzienė, S.; Razmaitė, V. Contribution of different breeds to Lithuanian Red cattle using pedigree information with only a fraction of the population analyzed. *Vet. Ir Zootech.* **2012**, *57*, 62–66. Available online: <https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2012/57/pdf/petrakova.pdf> (accessed on 10 February 2023).
20. Petrakova, L.; Kerzienė, S.; Razmaitė, V. Productivity traits of Lithuanian red dairy cows having different pedigree completeness. *Gyulinink. Moksl. Darb.* **2011**, *57*, 3–17.
21. Makštutienė, N.; Liucvaikienė, K.; Baltrėnaitė, L.; Morkūnienė, K.; Morkūnas, P.; Ramanauskienė, A.; Miceikienė, I. Lietuvoje veisiamų pienuių galvijų veislių mikrosatelitų įvairovės tyrimas. *Biologija* **2013**, *20*, 57–63. [CrossRef]
22. Viinalass, H.; Väry, S.; Boveinienė, B.; Bekere, R. Characterisation of cattle breeds in Baltic countries by genetic markers. *Biologija* **2002**, *3*, 16–19. Available online: https://www.researchgate.net/profile/Sirje-Vaerv/publication/266609445_Characterisation_of_cattle_breeds_in_Baltic_countries_by_genetic_markers/links/54b91c7a0cf269d8cbf71a3/Characterisation-of-cattle-breeds-in-Baltic-countries-by-genetic-markers.pdf (accessed on 15 February 2023).
23. Kaurynienė, E.K.; Šveistienė, R.; Jatkaušienė, V. Differentiation between Lithuanian White-Backed and Lithuanian Black-and-White (old genotype) cattle using blood groups. *Biologija* **2014**, *60*, 175–182. Available online: <https://www.lmaleidykla.lt/ojs/index.php/biologija/article/view/3036/1863> (accessed on 10 February 2023). [CrossRef]

24. Groeneveld, E.; Van der Westhuizen, B.; Maiwashe, A.; Voordewind, F.; Ferraz, J.B.S. POPREP: A generic report for population management. *Genet Mol Res.* **2009**, *8*, 1158–1178. Available online: https://www.researchgate.net/profile/Norman-Maiwashe/publication/38044970_POPREP_A_generic_report_for_population_management/links/565c035208aef619b25183c/POPREP-A-generic-report-for-population-management.pdf (accessed on 1 April 2023). [CrossRef]
25. MacCluer, J.W.; Boyce, A.J.; Dyke, B.; Weitkamp, L.R.; Pfennig, D.W.; Parsons, C.J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* **1983**, *74*, 394–399. [CrossRef]
26. Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. *Introduction to Quantitative Genetics*, 4th ed.; Longman Scientific and Technical: Harlow, UK, 1996.
27. Rehfeld, C.E.; Bacus, J.W.; Pagels, J.A.; Dipert, M.H. Computer Calculation of Wright’s Inbreeding Coefficient. *J. Hered.* **1967**, *58*, 81–84. [CrossRef] [PubMed]
28. Dell, A.; Curry, M.; Hunter, E.; Dalton, R.; Yarnell, K.; Starbuck, G.; Wilson, P.B. 16 Years of breed management brings substantial improvement in population genetics of the endangered Cleveland Bay Horse. *Ecol. Evol.* **2021**, *11*, 14555–14572. [CrossRef] [PubMed]
29. Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 327–332. [CrossRef] [PubMed]
30. Wright, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. *J. Hered.* **1923**, *14*, 339–348. [CrossRef]
31. Groeneveld, L.F.; Lenstra, J.A.; Eding, H.; Toro, M.A.; Pilling, D.; Negrini, R.; Finlay, E.K.; Jianlin, H.; Groeneveld, E.; Weigend, S.; et al. Genetic diversity in farm animals—A review. *Anim. Genet.* **2010**, *41*, 6–31. [CrossRef] [PubMed]
32. Paura, L.; Jonkus, D. Inbreeding evaluation in Latvia local cattle breeds. *Acta Fytotechn Zootech.* **2020**, *23*, 52–57. [CrossRef]
33. Bieber, A.; Wallenbeck, A.; Leiber, F.; Fuerst-Waltl, B.; Winckler, C.; Gullstrand, P.; Walczak, J.; Wójcik, P.; Neff, A.S. Production level, fertility, health traits, and longevity in local and commercial dairy breeds under organic production conditions in Austria, Switzerland, Poland, and Sweden. *J. Dairy Sci.* **2019**, *102*, 5330–5341. [CrossRef]
34. Buonaiuto, G.; Lopez-Villalobos, N.; Costa, A.; Niero, G.; Degano, L.; Mammi, L.M.E.; Cavallini, D.; Palmonari, A.; Formigoni, A.; Visentin, G. Stayability in Simmental cattle as affected by muscularity and body condition score between calvings. *Front. Vet. Sci.* **2023**, *10*, 1141286. [CrossRef]
35. Buonaiuto, G.; Lopez-Villalobos, N.; Niero, G.; Degano, L.; Dadati, E.; Formigoni, A.; Visentin, G. The application of Legendre Polynomials to model muscularity and body condition score in primiparous Italian Simmental cattle. *Ital. J. Anim. Sci.* **2022**, *21*, 350–360. [CrossRef]
36. Marašinskiė, Š.; Šveistienė, R.; Kosińska-Selbi, B.; Schmidtmann, C.; Ettema, J.F.; Juškiėnė, V.; Kargo, M. Application of a Bio-Economic Model to Demonstrate the Importance of Health Traits in Herd Management of Lithuanian Dairy Breeds. *Animals* **2022**, *12*, 1926. [CrossRef] [PubMed]
37. Adamczyk, K.; Szarek, J.; Majewska, A.; Jagusiak, W.; Gil, Z. Factors affecting longevity of cows with high share of Polish local breeds’ genes. *Anim. Sci. Pap. Rep.* **2017**, *35*, 35–46. Available online: <https://www.igbzpan.pl/uploaded/FSiBundleContentBlockBundleEntityTranslatableBlockTranslatableFilesElement/filePath/663/str35-46.pdf> (accessed on 5 April 2023).
38. Schuster, J.C.; Barkema, H.W.; De Vries, A.; Kelton, D.F.; Orsel, K. Invited review: Academic and applied approach to evaluating longevity in dairy cows. *J. Dairy Sci.* **2020**, *103*, 11008–11024. [CrossRef] [PubMed]
39. *Annual Report of Milk Recording of Lithuanian Breeds 2007–2008*; IAEA: Vilnius, Lithuania, 2009.
40. European Union. Regulation (EU) 2016/1012 of the European Parliament and of the council. *Off. J. Eur. Union* **2016**, *171*, 66–143. Available online: <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/PDF/?uri=CELEX:32016R1012&rid=2> (accessed on 5 April 2023).
41. González-Cano, R.; González-Martínez, A.; Muñoz-Mejías, M.E.; Valera, P.; Rodero, E. Analyses of Genetic Diversity in the Endangered “Berrenda” Spanish Cattle Breeds Using Pedigree Data. *Animals* **2022**, *12*, 249. [CrossRef] [PubMed]
42. Addo, S.; Schäler, J.; Hinrichs, D.; Thaller, G. Genetic Diversity and Ancestral History of the German Angler and the Red-and-White Dual-Purpose Cattle Breeds Assessed through Pedigree Analysis. *Agric. Sci.* **2017**, *8*, 1033–1047. [CrossRef]
43. Parland, S.M.; Kearney, J.F.; Rath, M.; Berry, D.P. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci.* **2007**, *85*, 322–331. [CrossRef]
44. Cassell, B.G.; Adamec, V.; Pearson, R.E. Effect of Incomplete Pedigrees on Estimates of Inbreeding and Inbreeding Depression for Days to First Service and Summit Milk Yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.* **2003**, *86*, 2967–2976. [CrossRef]
45. Cervantes, I.; Gutiérrez, J.P.; Molina, A.; Goyache, F.; Valera, M. Genealogical analyses in open populations: The case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 335–347. [CrossRef]
46. Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin-Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* **2013**, *45*, 1. [CrossRef]
47. Hiemstra, S.J.; de Haas, Y.; Mäki-Tanila, A.; Gandini, G. *Local Cattle Breeds in Europe. Development of Policies and Strategies for Self-Sustaining Breeds*; Wageningen Academic Publishers: Wageningen, The Netherlands, 2010.

Disclaimer/Publisher’s Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

CURRICULUM VITAE

Name, surname: Šarūnė Marašinskienė
Date of birth: 19/03/1988
E-mail: sarune.marasinskiene@lsmu.lt

Education

2013–2015 Master degree of Bio-business at Lithuanian University of Health Sciences, Veterinary Academy, Mickevičiaus str. 9, 44307 Kaunas, Lithuania.
2019–2024 PhD student at Lithuanian University of Health Sciences, Animal Science Institute.

Work experience:

2010–2018 Administrator at the Coordination Centre of Lithuanian Farm Animal Genetic Resources, Animal Science Institute of Lithuanian University of Health Sciences
2018–present Senior specialist at the Coordination Centre of Lithuanian Farm Animal Genetic Resources, Animal Science Institute of Lithuanian University of Health Sciences
2020–present Administrator at the Lithuanian Association of Endangered Livestock Breeders
2023–present Junior researcher at the Animal Science Institute of Lithuanian University of Health Sciences

PADĖKA

Norėčiau nuoširdžiai padėkoti savo darbo vadovei dr. Violetai Juškeienei už suteiktą galimybę ir patarimus rengiant disertacijos darbą.

Ypatingą padėką skiriu darbo konsultantei dr. Rūtai Šveistienei. Ačiū už pasidalintas žinias, asmeninį įsitraukimą ir nepaliaujamą palaikymą. Jūsų pasitikėjimas mano gebėjimais leido man žengti drąsius žingsnius mokslinio tyrimo lauke.

Taip pat esu dėkinga dr. Violetai Razmaitei, dr. Almai Račkauskaitei ir Virginijai Jatkauskienei už pagalbą apdorojant duomenis, vertingus patarimus ir palaikymą.

Nuoširdžiai dėkoju visam Lietuvos ūkinių gyvūnų genetinių išteklių apsaugos koordinavimo centro kolektyvui už moralinį palaikymą.

Taip pat esu labai dėkinga savo vyrui Mantui, dukroms Anelei ir Salomėjai, tėvams, sesei su šeima bei visiems artimiesiems ir draugams. Jūsų parama, supratimas ir kantrybė buvo mano stiprybės šaltinis per visą šį iššūkių kupiną laikotarpį.