На правах рукописи

ШУКЛИН СЕРГЕЙ ЮРЬЕВИЧ

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ STR-МАРКЕРОВ И SNP ЧИПОВ ПРИ ФОРМИРОВАНИИ ВЫСОКОПРОДУКТИВНОГО ПОГОЛОВЬЯ МОЛОЧНОГО СКОТА

06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных

АВТОРЕФЕРАТ

диссертации на соискание учёной степени
кандидата биологических наук

п. Лесные Поляны, Московская область
2022 г.

Работа выполнена в Федеральном государственном бюджетном образовательном учреждении высшего образования «Кубанский государственный аграрный университет имени И. Т. Трубилина».

Научный руководитель: доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент РАН
Кощаев Андрей Георгиевич

Официальные оппоненты:

Селионова Марина Ивановна – доктор биологических наук, профессор, ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К. А. Тимирязева» Министерства сельского хозяйства РФ, кафедра разведения, генетики и биотехнологии животных, заведующая кафедры.

Ахметов Тахир Мунавирович – доктор биологических наук, профессор, ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана» Министерства сельского хозяйства РФ, кафедра биологической химии, физики и математики, заведующий кафедры.

Ведущая организация: ФГБОУ ВО «Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологий – МВА имени К.И. Скрябина» Министерства сельского хозяйства РФ.

Защита состоится «11» марта 2022 года в 11-00 часов на заседании диссертационного совета Д 220.017.01, созданного на базе ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела» Министерства сельского хозяйства РФ, по адресу: 141212, Московская область, Пушкинский район, п/о Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13, ФГБНУ ВНИИплем, тел.: +7(495)515-95-57.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела" и на сайте: www.vniiplem.com

Автореферат разослан «14» января 2022 года.

Ученый секретарь диссертационного совета,
доктор сельскохозяйственных наук Тяпугин Сергей Евгеньевич

1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Актуальность темы исследований. В настоящее время рост продуктивности животных становится решающим фактором увеличения экономической эффективности всех отраслей животноводства, в том числе скотоводства (Дунин И.М., Амерханов Х.А., 2017; Горелик О.В., 2020; Племяшов, К.В. и др., 2021).

Научный подход к формированию целенаправленной наследственности способствует повышению продуктивности коров (Nimbona C. et al., 2019; Куликова Н.И., Черечеча А.А.; 2020; Селионова М.И. и др., 2020).

Важной целью «Федеральной научно-технической программы развития сельского хозяйства на 2017–2025 годы» является ... разработка современных методов экспертизы генетического материала, используемого при производстве продукции. Прогрессу генофонда разводимого поголовья способствует создание собственной национальной базы генетических маркеров, и установление взаимосвязи между генотипом и фенотипом животных (Кононов В.П., 2013; Нартикоева Л.Г., Кочисов С.А., 2017; Маринченко Т.Е. и др., 2019; Efimova I.O., Akhmetov T.M. и др.; 2020).

Внедрение современных методов воспроизводства и международная торговля племенным материалом привели к глобальному распространению голштинской породы из США и Канады (Улимбашев М.Б., Алагирова Ж.Т., 2016). По данным ВИЖ, СПбГАВМ около 30 % завозимого в России генетического материала является носителями генетического дефекта в гетерозиготном состоянии, которые влияют на снижение продуктивности дойного поголовья (Жигачев А.И., и др., 2008; Попов Н. А. и др., 2018).

Основная задача улучшения используемых генофондов – это получение высокопродуктивных животных, приспособленных к различным условиям организации органического сельского хозяйства (Селионова М.И. и др., 2018; Коробков Е.В. и др., 2021).

В связи с этим, разработка и внедрение новых, современных методов генетических исследований, используемых при формировании высокопродуктивного поголовья крупного рогатого скота, является актуальной и способствует решению важной народнохозяйственной стратегии – обеспечения населения России экологически безопасной продукцией скотоводства.

Степень разработанности темы исследований. Использование животных голштинской породы, в основном через завоз спермы быков-производителей, оказало положительное влияние на формирование высокопродуктивного поголовья крупного рогатого скота для производства молока и говядины в нашей стране.

Как отмечают ряд авторов в настоящее время отечественная наука и производство не обладают высокими технологиями мирового уровня, как это делают современные генетические компании чтобы, используя их в качестве «инструмента», полноценно управляя через генетику себестоимостью и качеством мяса, молока (Шеметюк С.А. и др.; 2019).

В Российской Федерации допущена к использованию 41 порода молочного, мясного и комбинированного направления продуктивности (Федоренко В.Ф. и др. 2018; Иванова И.П. и др., 2018).

Племенные хозяйства служат основой для сохранения этого генофонда. Главная задача этих хозяйств заключается в производстве наибольшего количества молодняка для продажи и продуктов питания (молоко, говядина и др.) высокого качества при наименьших затратах труда и средств (Кощаев А.Г. и др., 2017; Щербакова Н.А. и др.; 2020).

Увеличение, в структуре поголовья, доли высокопродуктивных молочных пород привело, с одной стороны, к резкому наращиванию продуктивности, а с другой – к снижению экономической эффективности ведения отрасли. В связи с этим изучение их племенных качеств и хозяйственно-полезных признаков является актуальным (Тяпугин Е.А. и др., 2014; Чинаров В.И., 2019; Амерханов Х.А. и др., 2019).

Широкомасштабное использование инновационных методов молекулярно-генетических исследований в селекционно-племенной работе, наряду с созданием современных селекционных центров, позволит обеспечить устойчивое развитие отечественного животноводства и наращивание объемов производства конкурентоспособной продукции (Donnik I.M. et al., 2015; Зиновьева Н.А. и др., 2016; Стрекозов Н.И., 2018; Иванова И.П. и др., 2018; Сафина Н.Ю. и др., 2020; Китаёв Ю.А., 2020).

В связи с этим исследования, связанные с использованием генотипирования *STR*-методом и *SNP*-чипом при формировании массивов высокопродуктивного молочного скота, являются современными и актуальными.

Цели и задачи исследований. Цель исследования - на основе генотипирования *STR*-маркерами и *SNP*-чипом разработать комплексную систему идентификации высокопродуктивного поголовья крупного рогатого скота.

Для выполнения поставленной цели нами проведены следующие исследования:

– проанализировано генетическое разнообразие быков-производителей и коров, участвующих в формировании современной популяции голштинской породы;

– оценена достоверность происхождения быков-производителей и коров, используемых в исследованиях, *STR*- методом;

– изучены генотип, продуктивные, воспроизводительные качества поголовья коров;

– применяя расчет индекса РИТ (родительский индекс телки) сформирована группа высокопродуктивного молодняка;

– используя панели *SNP*- чипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel» определен уровень гетерозиготности сформированной группы высокопродуктивного молодняка по: происхождению и генетическим маркерам продуктивности;

– для сформированной группы молодняка установлена взаимосвязь маркеров *DGAT1* и *MSTN* и их сочетаний с живой массой, а также маркеров

MITF_SNPchr22_31746502 и *MITF_SNPchr22_31769189* с развитием волосяного покрова;

– определена экономическая эффективность использования *STR*- метода и платформы *SNP*-чипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel» при формировании высокопродуктивного поголовья.

Научная новизна. Впервые в популяции голштинской породы, на основе комплекса биологических, молекулярно-генетических исследований, проведен новый прием отбора и оценки достоверности происхождения и продуктивных качеств животных. Предложена оптимизация системы формирования высокопродуктивных групп животных при чистопородном разведении.

Основные положения, выносимые на защиту:

– результаты исследований вариабельности генофонда быков-производителей и коров голштинской породы, формирующих высокопродуктивное поголовье;

– оценка особенностей молочной продуктивности и воспроизводства дойного поголовья;

– схема формирования селекционной группы молодняка в раннем возрасте;

– исследования аллельного полиморфизма молодняка по достоверности происхождения, продуктивности, продолжительности использования и адаптации к условиям содержания;

– расчет экономической целесообразности применения различных методов генетических исследований в хозяйствах при формировании высокопродуктивного поголовья.

Теоретическая и практическая значимость работы заключается в том, что обоснована и экспериментально доказана возможность проведения современных методов генетических исследований при формировании высокопродуктивного поголовья голштинской породы.

Проведение генотипирования животных *STR*-маркерами и *SNP*-чипом «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel» способствуют повышению рентабельности выращивания молодняка до 7,3 %.

Методология и методы исследования. Методология исследований основывается на научных и методических разработках отечественных и зарубежных ученых в области генетики и разведении сельскохозяйственных животных. Для анализа полиморфизма популяции, взаимосвязи генетических параметров, показателей продуктивности применялись методы вариационной статистики, предназначенные для обработки результатов популяционно-генетических экспериментов и наблюдений. Обработка материалов исследований проводилась биометрическими методами.

Степень достоверности и апробации проведенных исследований.

Достоверность результатов исследований, представленных в диссертации, подтверждаются тем, что опыты проведены на достаточном поголовье крупного рогатого скота, при этом в работе применялись современные методы исследований и оборудование. Экспериментальная часть работы реализована

с использованием общепринятых методов планирования научного эксперимента и методов, применяемых в разведении, селекции и генетике сельскохозяйственных животных, а также экономике. Обработка результатов экспериментов проводилась с использованием актуального программного обеспечения и общепринятых методов статистики.

Выводы и предложения производству вытекают из результатов собственных исследований и согласуются с результатами исследований других ученых.

Результаты исследований доложены на:

– X международной научно-практической конференции «Инновационные пути импортозамещения продукции АПК» (п. Персиановка, Донской ГАУ, 2015);

– 40-ой научной-практической конференции молодых ученых «Научный потенциал молодых ученых для создания инновационных технологий в АПК» (Смоленск, Смоленская ГСХА, 2015);

– Международной научно-практической конференции: «Приоритетные направления развития АПК» (Курган, Курганская ГСХА, 2015);

– XI Всероссийской конференции молодых ученых (29-30 ноября 2017 г.) (Краснодар, Кубанский ГАУ, 2017);

– II и III Международной конференции «Институциональные преобразования АПК России в условиях глобальных вызовов» (Краснодар, Кубанский ГАУ, 2018, 2019);

– II и III Национальной конференции «Научно-технологическое обеспечение агропромышленного комплекса России: проблемы и решения» (Краснодар, Кубанский ГАУ, 2018, 2019).

Публикации результатов исследования. По материалам научных исследований опубликовано 13 статей, в том числе 3 в рецензируемых научных изданиях, 3 методические рекомендации, 1 учебное пособие.

Объем и структура диссертации. Диссертация изложена на 122 страницах печатного текста, состоит из введения, основной части диссертации, которая включает в себя обзор литературы, материалы и методы исследований, результаты исследований, выводы, предложения производству, перспективы и направления дальнейших исследований, список литературы и приложения. Диссертационная работа содержит 28 таблиц, 23 рисунков. Список литературы включает 122 источника, в том числе 18 на иностранном языке.

2. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ

Исследования проводили с 2015 по 2020 гг. на кафедре биотехнологии, биохимии и биофизики ФГБОУ ВО Кубанского государственного аграрного университета имени И. Т. Трубилина, в племзаводе АО «Рассвет» Усть-Лабинского района, учхозе «Краснодарское» Краснодарского края. Молекулярно-генетические исследования осуществляли совместно с научными сотрудниками: лаборатории белков гормональной регуляции ФГБУН «Инсти-

тут биоорганической химии РАН имени М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова» (г. Москва) и молекулярно-генетических исследований в АПК Кубанского госагроуниверситета.

Всего в опыте было использовано 429 голов, из них 15 быков-производителей, 207 голов коров, 207 голов телок голштинской породы черно-пестрой масти. Схема исследований представлена на рисунке 1.

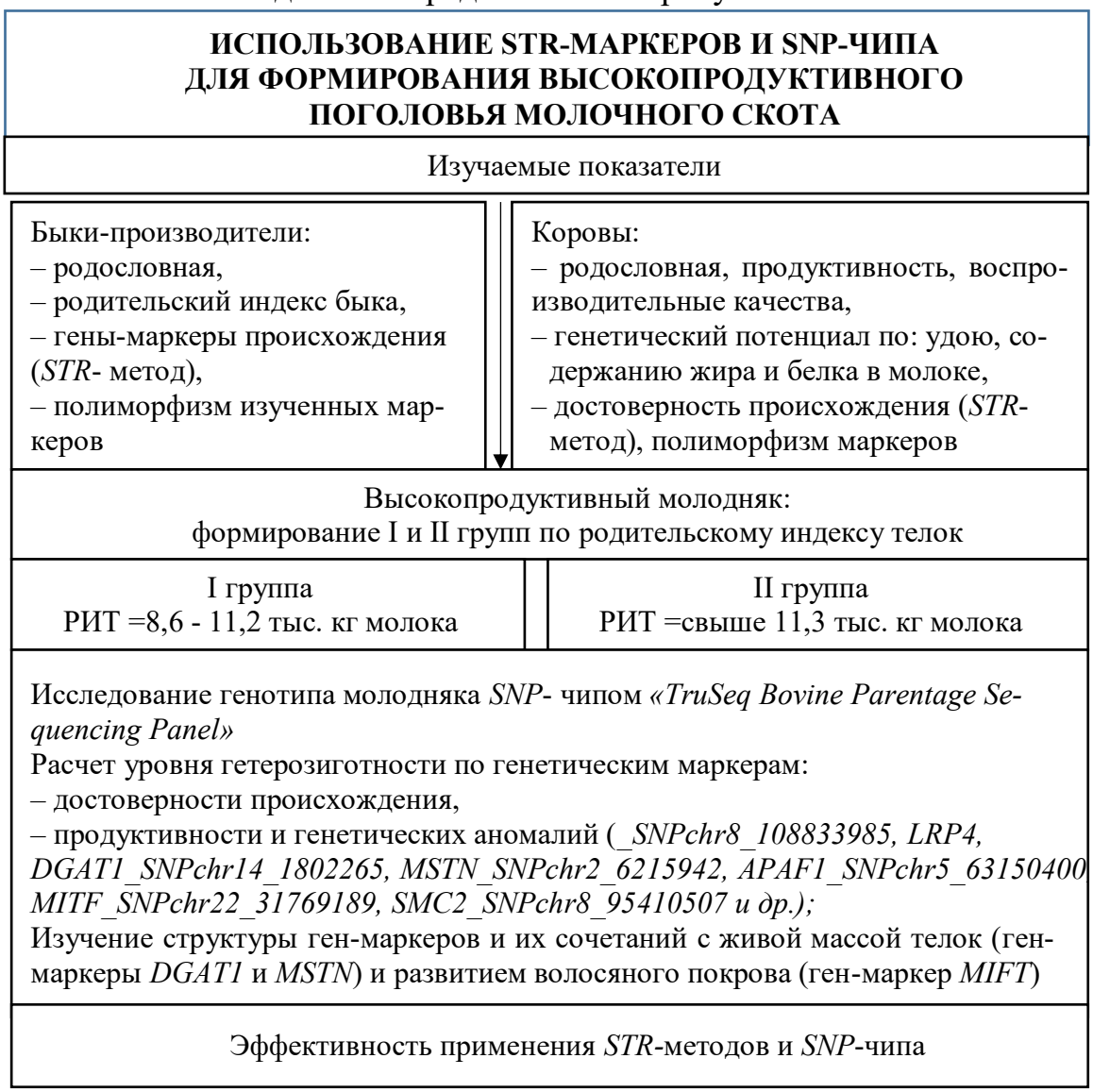

Рисунок 1 – Схема научно-производственного опыта

Изучение генотипа быков-производителей, коров, молодняка голштинской породы проводили по документам: 1МОЛ, сертификатам выданным Ассоциацией голштинского скота США «*DNA* Genotype certificate», «Official Holstein Pedigree»; данным сайта Dayry bulls. com – Sire Genetic Evalutions/ August 2019 «Альта Дженетикс Раша» (г. Москва); «Молочная Компания Генетика» (г. Нижний Новгород), ВНИИ племенного дела (Московская область).

На основании полученных данных, построили родословную: быков-производителей, коров и телок, участвующих в опытах.

В работе для оценки маточного поголовья коров, телок использовали базу ИАС «Селэкс. Молочный скот»; формы зоотехнического учета (2 МОЛ).

В качестве стандартных маркеров достоверности происхождения животного (*STR*-маркеры) использовали рекомендации ISAG (Международного общества генетики животных). Для изучения генетического разнообразия коров проводили индивидуальный анализ ДНК на основе мультиплексного ПЦР-анализа по 15 локусам, представляющие собой тандемные динуклеотидные повторы (повторы у двух нуклеотидов, повторяющиеся рядом друг с другом – *short tandem repeats*): *BM1824, BM2113, BM1818, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, ILSTS006, SPS115, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53* (табл.1).

Таблица 1 – Описание микросателлитных маркеров GorDis Cattle

Название локуса	Хромосомная локализация	Нуклеотидная последовательность единицы повтора
ETH3	*D19S2*	$(GT)_nAC(GT)_6$
INRA023	*D3S10*	$(AC)_n$
TGLA227	*D18S1*	$(TG)_n$
TGLA126	*D20S1*	$(TG)_n$
TGLA122	*D21S6*	$(AC)_n(AT)_n$
SPS115	*D15*	$(CA)_nTA(CA)_6$
ETH225	*D9S2*	$(TG)_4CG(TG)(CA)_n$
TGLA53	*D16S3*	$(TG)_6CG(TG)_4(TA)_n$
BM2113	*D2S26*	$(CA)_n$
BM1824	*D1S34*	$(GT)_n$
ETH10	*D5S3*	$(AC)_n$
CSSM66	*D14S31*	$(AC)_n$
ILSTS006	*D7S8*	$(GT)_n$
CSRM60	*D10S5*	$(AC)_n$
BM1818	*D23S21*	$(TG)_n$

Забор крови осуществляли стерильно, в соответствии с инструкциями производителя, в специальные вакуумные пробирки SAR-STEDT Monovette («Сарштедт», Германия), содержащими в качестве консерванта ЭДТА. От каждого животного было получено 3–5 мл цельной крови. Пробирки с образцами хранились и транспортировались в холоде (+4°С), не допуская замораживания. Полученные образцы крови частично (от 150 до 200 мкл) переносили на стерильную хлопковую марлю в условиях, исключающих перекрёстную контаминацию, высушивали в стерильном шкафу под ламинарным потоком воздуха и упаковывали в индивидуальные бумажные пакеты. ДНК выделяли из цельной крови по схеме работы, рекомендованная российским производителем продукции для молекулярной идентификации – фирмой «Гордиз»

Методика определения последовательности участков генов, содержащих однонуклеотидные полиморфизмы (*SNP – single nucleotide polymorphism*) включала несколько этапов: – подготовка библиотек генов, содержащих копии коротких участков ДНК; – гибридизация с последующей амплификацией; – секвенирование. Исходя из рекомендаций ISAG генотипирование телок проводили с использованием платформы биочипа «TruSeq Bovine Parentage

Sequencing Panel» («Illumina, Inc.», США). Преимуществом этой панели является высокая точность, автоматизация процесса и сокращение времени исследования до 1,5 дней.

Изучение *SNP*-вариантов платформой биочипа дало возможность одновременного анализа 263 аллельных вариантов генов-маркеров, для каждой головы (табл. 2).

Таблица 2 – Описание биочипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel»

Показатель	*SNP*, n
1 *SNP* для установления достоверности происхождения (отобранные ISAG)	
1.1 Основные *SNP* / Дополнительные *SNP*	100/100
2 Варианты, ассоциированные с заболеваниями	
2.1 Эмбриональные/постэмбриональные летальные состояния (*HH1* и др.)	12
2.2 Постэмбриональные летальные состояния	17
2.3 Не летальные неблагоприятные состояния	19
3 Варианты, ассоциированные с экономически значимыми признаками	
3.1 Фертильность быков	1
3.2 Рост и развитие животных	4
3.3 Качество мяса	4
3.4 Качество молока	6
Общее количество *SNP* вариантов	263

Из 63 исследованных ген-маркеров, связанных с заболеваниями и продуктивностью, в нашей работе использовали 8 маркеров (табл. 3).

Таблица 3 – Генетические маркеры, использованные в исследованиях *SNP*-чипом

№ *SNP* на панели	Генетических маркер	Характеристика
207	*_SNPchr8_108833985*	Кератоконъюктевит. Переболевшие животных остаются слепыми
212	*LRP4*	Мутации в гене белка 4, синдактилия. Сокращает период производственного использования поголовья, снижает воспроизводительные способности
222	*DGAT1_SNPchr14_1802265*	Ген диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1. Мутации увеличивают содержанию белка и жира в молоке, снижают удой
233	*MSTN_SNPchr2_6215942*	Ген – миостатин. Аномальное развитие мышечной массы
236	*APAF1_SNPchr5_63150400*	Гаплотип *HH1*. Снижает воспроизводительные свойства
249 250	*MITF_SNPchr22_31746502* *MITF_SNPchr22_31769189*	Связан с белой окраской волосяного покрова
259	*SMC2_SNPchr8_95410507*	Гаплотип *HH3*. Снижает продолжительность стельности коров

Степень развития волосяного покрова изучали по методике Е.А. Арзуманяна, А.Ф. Верниченко (1991), Г.И. Кульчумовой и И.П. Заднепрянского (1988).

Взвешивание молодняка проводили на электронных весах среднего класса точности, с пределом взвешивания до 500 кг, по ГОСТ 23676-79. Изучаемый возрастной период молодняка применен в соответствии с требованиями приказ МСХ РФ от 28.10.2010 № 379.

Генетический потенциал продуктивности быков-производителей, рассчитывали через родительский индекс быка (РИБ) по формуле 1:

$$РИБ = \frac{2M+MO}{3} \quad (1),$$

где, М – продуктивность матери быка-производителя за 305 дней наивысшей лактации, кг молока; МО – продуктивность матери отца быка-производителя за 305 дней наивысшей лактации, кг молока.

Родительский индекс коров (РИК) вычисляли по формуле Н.А. Кравченко (1969) (формула 2):

$$РИК = \frac{2M+MM+MO}{4} \quad (2),$$

где, М – продуктивность матери за 305 дней наивысшей лактации, кг молока; МО – продуктивность матери отца за 305 дней наивысшей лактации, кг молока; ММ – продуктивность матери матери за 305 дней наивысшей лактации, кг молока.

Расчет родительского индекса телок (РИТ) осуществляли формуле 3.

$$РИТ = \frac{M+Mo}{2} \quad (3),$$

где, М – наивысшая продуктивность матери за 305 дней наивысшей лактации, кг молока); МО – наивысшая продуктивность матери отца за 305 дней лактации, кг молока.

Полученные данные индекса РИТ сопоставляли с генетическим базисом голштинской породы США (сайт CDCB – совет по селекции молочного скота).

Среднюю гетерозиготность по исследованным локусам вычисляли по М. Нею (1975) (формула 4).

$$H=\frac{1}{n}\sum_i^n hi \quad (4)$$

где, *hi* – количество гетерозигот на объём выборки, усредненное по всем исследованным локусам, n – число выборки.

Для оценки разнообразия генотипов были определены рекомендуемые для селекции маркеры (Ю.В. Чесноков, А.М. Артемьева; 2015), рассчитаны их величины:

– мера информационного полиморфизма – *PIC* (*polymorphism information content)* (формула 5).

$$PIC = 1-[f2+(1-f)2] \quad (5),$$

где, *f* – частота маркера в наборе данных. Для доминантных маркеров максимальное значение – 0,5.

– эффективное мультиплексное отношение – *EMR (effective multiplex ratio*) (формула 6).

$$EMR=n_p(n_p/n) \quad (6),$$

где, n_p – число полиморфных локусов, *n* – общее число локусов.

– маркерный индекс – *MI (marker index)*. Это статистическая величина, используемая для оценки суммарной пригодности маркерной системы. (формула 7).

$$MI = PIC \times EMR \qquad (7).$$

Чем выше значение MI тем эффективнее ее применение для оценки маркера.

Расчет коэффициента устойчивости лактации коров ($К_{ул}$) по формуле 8.

$$К_{ул} = P2/P1*100 \quad .....(8),$$

где, P1 – удой за 1–100-й день, кг молока, P2 – удой за 101–200-й день лактации, кг молока.

Индекс генетического потенциала коров (ИГП) по удою, кг; МДЖ и МДБ (массовая доля жира и белка, %) рассчитан по формуле 9.

$$ИГП = \frac{Дх100}{РИБ} \qquad (9),$$

где, Д – продуктивность дочерей быков-производителей за 305 дней лактации, кг молока; РИБ – родительский индекс быков, кг молока (Л.В. Холодова, К.С. Новоселова; 2016).

По формуле Ф.Ф. Эйснера рассчитывали превышение средних абсолютных показателей дочерей над аналогичными показателями сверстниц (%) по формуле 10.

$$П = \frac{Д}{С} x100 \qquad (10),$$

где, П – племенная ценность производителей в линии, Д – средняя продуктивность дочерей в линии, кг молока, С – средняя продуктивность дочерей в других линиях, кг молока.

Расчет коэффициент инбридинга в популяции проведен по формуле Райта-Кисловского (формула 11):

$$F_x = \sum F(1/2)^{n+n_i^{-1}} \cdot (1 + f_a) \cdot 100, \qquad (11),$$

где, F_x – коэффициент инбридинга, %; n, n_i — ряды родословной; f_a – коэффициент инбридинга для общего предка.

Критерий соответствия Пирсона (χ^2) определяли по формуле 11:

$$\chi^2 = \Sigma \frac{(Но - Не)^2}{Не} \qquad (12),$$

где, *Но* – фактически наблюдаемое количество генотипов, *Не* – теоретически ожидаемое количество генотипов. χ^2 – выражается любым положительным числом.

Оценку генотипов локусов микросателлитов рассчитывали согласно Е.К. Меркурьевой, Г.Н. Шангин-Березовскому (1983) по формуле (13):

$$P = n/N \qquad (13),$$

где, *P* – частота определенного генотипа; *n* – количество животных, имеющих определенный генотип, голов; *N* – общее число животных, голов.

Частоту отдельных аллелей определили по формуле 14 и 15:

$$PA = (2nAA + nAB)/2N \qquad (14),$$

$$QB = (2nBB + nAB)/2N \qquad (15),$$

где, *PA* – частота аллели *A*; *QB* – частота аллели *B*; *nAA, nAB, nBB* – количество животных с определенным генотипом, голов; *N* – общее число животных, голов.

Достоверность происхождения контролировали по 200 аллелям. Критерии редактирования *SNPs* были следующие: минорная частота аллелей *SNP*s не менее 1 %, ошибка генотипирования *SNPs* не более 5 %.

Ожидаемую гетерозиготность (*He*) локуса, рассчитана по формуле 16:

$$He=1-\sum_{i=1}^{i} P_i^2, \qquad (16),$$

где, P_i - частота i-ой аллели среди общего числа аллелей.

Статистические данные зоотехнических показателей и оценки разнообразия генотипов обрабатывали с использованием программы *Microsoft Office Excel*.

3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

3.1. Популяционно-генетический анализ разнообразия быков-производителей, участвующих в формировании генофонда

Современная селекция не может быть оторвана от традиционной, в связи с этим, на первом этапе наших исследований, все быки-производители объединены в родословные. В родословную: Р. Соверинг 198998 от родоначальников ветвей: B. Emory 2114601, H.-H.C. Manfred 2183007, R-B. Tabo 17121203 выделены 75 % поголовья от общего массива. Родословная В.Б. Айдиала 1013415, от родоначальников ветвей: S.V. Bolton 13182833 и C.P. Mtoto 60010001962 включено 15 % поголовья. Установлено что все быки свободны от основных генетических заболеваний. Значения индекса РИБ в линии В.Б. Айдиала 1013415 превышало Р. Соверинг 198998 по удою на 567 кг (39,4 %). Быки Р. Соверинг 198998 превышают В.Б. Айдиала 1013415 по содержанию в молоке: жира на 0,37 %; белка – 0,35 % (P≥0,05).

Для описания генетического разнообразия популяции по происхождению, нами были рассчитаны: ожидаемая (*He*) и наблюдаемая (*Ho)* гетерозигоность, а также индекс инбредности (*Fis)* по аллелям (табл. 4).

Таблица 4 – Гетерозиготность локусов в генотипах быков-производителей

Локус	Родословная В.Б. Айдиала, n=5			Родословная Р. Соверинг, n=10		
	Ho	*He*	*Fis индив.*	*Ho*	*He*	*Fis индив.*
BM1818	0,75	0,44	-0,714	0,30	0,91	0,670
BM1824	0,50	0,75	0,333	0,60	0,64	0,063
BM2113	0,80	0,40	-0,714	0,60	0,64	0,063
ETH3	0,5	0,75	0,333	0,40	0,84	0,524
SPS115	0,90	0,19	0,333	0,90	0,19	-3,74
TGLA126	0,70	0,51	0,733	0,70	0,51	-0,373

- *Ho* - наблюдаемая гетерозиготность, *He* - ожидаемая гетерозигоность, *Fis* - индекс фиксации (инбредности)

Установлено что, *Ho* меньше *He,* в родословной Р. Соверинг 198998 на 31 %, а в родословной В.Б. Айдиала 1013415 соответственно на 37,5 %. Это дает основание сделать заключение что отдельные, исследуемые быки получены близкородственным разведением, что подтверждено и расчетом коэффициента инбридинга (*Fis<0*).

Для сравнения динамики гетерозиготности быков и эффективности используемых *STR*-маркеров рассчитали показатели: *PIC* – меру информационного полиморфизма и *MI*–маркерный индекс по изучаемым аллелям (табл. 5).

Таблица 5 – Полиморфизм микросателлитных локусов у быков (*n*=15)

Локус	*PIC* оптим.	*EMR*	*MI*
BM1824	0,18	4,57	3,08
CYP21	-	10,29	2,73
ETH3	0,48	2,57	2,09
INRA023	-	10,29	2,73
TGLA126	0,18	4,57	3,08
TGLA53	-	12,07	1,66

* *PIC* – мера информационного полиморфизма; *EMR* – эффективное мультиплексное отношение; *MI* – маркерный индекс по изучаемым аллелям.

Расчетами маркерного индекса (*MI)* подтверждена возможность применения в качестве маркеров достоверности происхождения исследуемые *STR*-аллели (исключая *TGLA53*, имеющего *MI* =1,7 ед.).

Установлено что локусы микросателлитов определения достоверности происхождения: *BM1818, CYP21, ETH225, INRA023, RM067,* имеют наиболее гетерозиготное состояние. Оптимальное значение *PIC* наблюдается у 25 % микросателлитных локусов (*BM1824, BM1818, ETH3, TGLA126*). Используемая система *STR*-маркер пригодна в первую очередь для аллелей локусов: *TGLA53, INRA023, CYP21*, имеющих наивысшее значение *EMR* – 12,07-10,29 единицы.

Анализ маркера качества молока (локус CSN3) показал, что желательный *BB* генотип имеется только у 25 % быков в родословной В.Б. Айдиала 1013415. По гену *β*- казеина частота встречаемости оптимального генотипа (*A2A2)* низкая – до 40 %, в родословной Р. Соверинг 198988. Следовательно, только отбор даст возможность перестройки данной популяции до получения нужных сочетаний по ДНК маркерам продуктивности (*κ*- и *β*- казеины), отдавая предпочтение генотипу *BB* – по первому показателю и *A2A2* – по второму.

3.2. Исследование взаимосвязи генотипов матерей с их продуктивностью и воспроизводительной способностью

В ходе исследований установили, что маточное поголовье дифференцировано на родословные голштинской породы черно-пестрой масти: В.Б. Айдиала 1013415 (49 % от общей численности), Р. Соверинг 198988 (16 %), М. Чифтейн 95679 (1 %), П. Говернер 882933 (1 %).

Выявлено, что сверстницы родословной В.Б. Айдиала 1013415 имеют превосходство по продуктивности на 0,8 – 2,1 % ($P \leq 0,05$) над поголовьем Р. Соверинг 198988. По всем линиям производства жира и белка превышает требования породы к 1 классу на 130 %. Наиболее устойчивой лактацией отличалось поголовье, полученное внутрилинейный разведением В.Б. Айдиала 1013415.

В целом, по исследованной популяции, на одно плодотворное осеменение затрачивается: по взрослым коровам – 3,1 осеменений; по первотелкам –

1,7; что являются оптимальными, с учетом высокой продуктивности дойного поголовья. Для формирования потомства используется индивидуальное закрепление быков – производителей за маточным поголовьем. В результате этого средний коэффициент инбридинга по стаду составляет – 8,2 %.

Расчет индекса реализации генетического потенциала в группе коров-рекордисток подтвердил превосходство, по удою, животных В.Б. Айдиала 1013415, над Р. Соверинг 198988 на 67 кг (0,8 %), по массовой доле белка на 0,04 %.

В популяции коров установлен высоких полиморфизм в 10 локусах из 16 исследованных (BM2113; BM1818; TGLA53; ETH3; SPS115, TGLA122).

Сопоставление локусов *BM1818, TGLA53, ETH3* по количеству аллелей показало, что они наиболее вариабельны как в популяции коров и быков-производителей. Это позволяет рекомендовать их для применения их для идентификации поголовья в качестве *STR*- маркеров для генетической дифференциации породы.

Для всех *STR*- маркеров значение *Fis* находились в пределах доверительного интервала (95 %), следовательно, в изученной популяции коров отсутствует тесный инбридинг. Проведенные исследования показали, что популяция коров имеет устойчивую генеалогическую структуру и имеются многочисленные варианты моделирования дальнейшей селекционно-племенной работы с их потомством.

3.3. Полиморфизм локусов микросателлитов у потомков

3.3.1. Формирование опытных групп молодняка

На втором этапе нашей работы, путем расчета родительского индекса телочек (РИТ), проводилась оценка и отбор ремонтного молодняка в раннем возрасте. По результатам работы поголовье было распределено на две опытные группы (табл. 6).

Таблица 6 – Характеристика опытных групп телок (*n*=207)

Группы	РИТ, кг молока за 305 дней лактации		
	X±Sx	Cv, %	t-критерий Стьюдента
I - производственная	8600±909	10,58	7,58
II - селекционная	11256±860	7,64	

Разница между средними показателями РИТ, в группах, составила 2656 кг молока (23,8 %, P≤0,001). При сравнении с базисными показателями голштинской породы США показатель РИТ селекционной группы оказался ниже на 1014 кг молока (8,2 %). Выявленное значительное преимущество базисного поголовья обуславливает необходимость более детального поиска диагностических ресурсов ремонтного поголовья российского генофонда.

3.3.2. Изучение достоверности происхождения молодняка

Рассчитанный нами средний коэффициент инбридинга по всему исследуемому поголовью молодняка, составил: *f*=8,17 %. Полученное значение ниже, чем у сверстников США, на 6,02 %. Разница по данному коэффициенту, в исследуемых группах молодняка, составила 0,005 % в пользу II группы.

Определение происхождения животных – главное при комплексной оценке животных. (Donnik I.M. et al, 2018; Прищеп Е.А. и др., 2019).

Достоверность происхождения молодняка нами изучена при помощи панели *SNP*-чипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel». Работу провели по 200 *SNP* (основным и дополнительным, по 100 в каждом). В таблице 7 представлена характеристика *SNP,* с наибольшей частотой рекомендованных повторений.

Таблица 7 – *SNP* характеризующие достоверность происхождения (*n*=200)

№ *SNP* на панели	Идентификатор (ID)	Номер хромосомы	Референсный аллель	Альтернативный аллель	Рекомендация ISAG по использованию *SNP*	Повторяемость рекомендованного сочетания в группах, %	
						I	II
108	*ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287*	6	*C*	*T*	основной	64,4	65,7
143	*ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174*	7	*G*	*A*	основной	66,6	68,6
113	*ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs*	13	*A*	*G*	основной	63,1	62,9
44	*ARS-BFGL-NGS-86662*	1	*G*	*T*	дополнительный	62,3	71,4
60	*BTB-01285245*	1	*T*	*C*	дополнительный	59,8	68,6
39	*ARS-BFGL-NGS-67146*	2	*A*	*G*	дополнительный	60,1	68,6
55	*BTB-00188171*	4	*T*	*C*	дополнительный	62,5	68,6
74	*Hapmap40148-BTA-92999*	1	*T*	*G*	дополнительный	60,1	68,6
51	*BTA-30857-no-rs*	12	*C*	*T*	дополнительный	68,0	68,6
80	*Hapmap43792-BTA-122725*	13	*G*	*A*	дополнительный	61,5	65,7

Полученные данные позволили отнести весь изучаемый молодняк к голштинской породе.

Установили, что в селекционной группе телок по основным *SNP* оптимальный генотип имеют: *ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174 (SNP* №143*)* – генотип *GA*; *ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287 (SNP* №108*)* – генотип *CT* и *ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs (SNP* №113*)* – генотип *AG*, с показателями 62,9 – 68,6 % (P ≤ 0,05). В этой же группе молодняка по дополнительным *SNP* высокая повторяемость рекомендованных генотипов в: *ARS-BFGL-NGS-86662 (SNP* №44*)* – генотип *GT*; *Hapmap51227-BTA-41809 (SNP* №88*)* - генотип *GA,* с разницей до 8,5 % (P ≤ 0,01).

В производственной группе наибольшая повторяемость установлена по основным SNP: *ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174 (SNP* №143) – генотип *GA* и *ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287 (SNP* №108*)* – генотип *CT*. По дополнительным: *BTA-30857-no-rs (SNP* №151*)* – генотип *CT* и *ARS-BFGL-BAC-19454* (*SNP* №2) – генотип *CT.*

Все это свидетельствует о том, что селекционная группа молодняка имеет более уплотнённый и достоверно установленный генофонд, позволяющий использовать его для совершенствования общего генофонда популяции.

3.3.3. Структура генов-маркеров продолжительности производственного использования молодняка

С использованием панели *SNP*-чипа проведено исследование насыщения генофонда ген-маркерами, связанными со снижением продолжительности производственного использования животных (*SNP* №207, 212, 236, 259).

По гену-маркеру *SNPchr8_108833985* (*SNP* №207): негативное сочетание *AA* наблюдали по 11 % в каждой группе, нейтральное сочетание *AG*: 52 % (I группа) и 60 % (II группа).

В группе II установили, что в ген-маркере *LRP4* (*SNP* №212) – 3 % животных, от общего поголовья, несут негативное сочетание *AA*. Позитивное сочетание *GG* наблюдается до 80 % у поголовья в обеих группах, при этом нейтральное – *GA* на 4 % меньше во II группе.

По гену-маркеру *APAF1_SNPchr5_63150400* (*SNP* №236) в I группе молодняка установили позитивное сочетание *CC* в 100 %. В II группе нейтральное сочетание *CT* выявлено у 3 % поголовья. Негативное сочетание *TT* отсутствует в обеих группах.

В структуре по гену-маркеру *SMC2_SNPchr8_95410507* (*SNP* №259) в I группе до 2 % поголовья имеют негативное сочетание *TT*.

В связи с вышеизложенным встает вопрос о необходимости раннего выявления молодняка по генам-маркерам *LRP4* (*SNP* №212) и *SMC2_SNPchr8_95410507* (*SNP* №259) имеющих негативное сочетание аллелей.

3.3.4. Разнообразие генов-маркеров продуктивных качеств молодняка

Генотипирование молодняка, на начальном этапе развития, выявили что из исследуемых генов-маркеров – 12 имеют положительный генотип, по двум встречаются сочетания аллелей требующих дальнейшего изучения.

При анализе гена-маркера *DGAT1_SNPchr14_1802265* (*SNP* №222), у телок I группы выявлено, преобладание *G*-аллели над *A* в 1,9 раза. В II группе встречаемость *A*-аллели – 63,2 %, *G*-аллели – 36,8 %. Ожидаемая гетерозиготность (*He*) значительно выше наблюдаемой (*Ho*) на 0,342 – 0,594 значений, следовательно, популяция инбредна по данному гену. Индекс *MI* в обеих опытных группах низкий (0,0022 – 0,0027), в связи с этим данный ген не рекомендуется использовать, в качестве маркера, для анализа популяции.

Исследованиями полиморфизма гена *MSTN_SNPchr2_6215942* (*SNP* №233) установлено, что в обеих группах преобладание *C* над *T* аллелями в 2 раза выше. Высокая частота встречаемости *GG* генотипа (31–35 %) и сочетание *GA* (52–63 %) повлияло на смещение генетического равновесия. Что касается частоты встречаемости *AA* генотипа, то она была в I группе на 7 % больше, чем в группе II. Показатель наблюдаемой гетерозиготности (*Ho)* во всех группах меньше ожидаемой гетерозиготности (*He)* до 0,42 единицы в группе II, следовательно, изучаемая популяция молодняка инбредна по данному гену-маркеру.

В связи с тем, что значение индекса маркерного индекса (*MI*) невысокое (до 0,0044), данный ген-маркер не информативен для всех опытных групп. Однако в целом, можно отметить, что популяция изучаемого молодняка голштинского скота находится в генетическом равновесии.

3.3.5.Сопоставлениеданных ген-маркеров *MITF_SNPchr22_31746502* и *MITF_SNPchr22_31769189* с микроструктурными исследованиями кожи при изучении адаптации поголовья

Для выявления ген-маркеров, связанных с появлением белой окраски волос (способствующей лучшей переносимости животными солнечной инсоляции) нами исследована структура гена-маркера *MITF_SNPchr22_31746502 (SNP* №249) и *MITF_SNPchr22_3176918 (SNP* №250). По *MITF_SNPchr22_31746502*. Установлено, что в обеих группах позитивный генотип (*CC*) в 100 %. По *MITF_SNPchr22_31769189* в I группе 100 % позитивное сочетание, в II группе выявлено 14 % негативных сочетаний (генотип *TA)*.

В связи рассмотрением вышеперечисленных *SNP* было принято решение изучить степень развития волосяного покрова и микроструктуры кожи в сравнительном аспекте. Установлено, что в зимний период II группа превосходила по густоте покрова I на 0,07 % (P<0,099), а летом на 1,2 % (P<0,099). В зимний и летний периоды высокое содержание пуха обеспечивало хорошую тепловую изоляцию. При изучении диаметра волос существенных различий не установлено. Степень развития кожно-волосяного покрова свидетельствует о хорошей адаптации изучаемых животных. Полученные нами результаты позволяют рекомендовать использовать *MITF_SNPchr22_31769189* (*SNP* №250) для раннего поиска ген-маркеров связанных с оптимальной структурой волосяного покрова.

3.3.6. Связь генов *DGAT1_SNPchr14_1802265* и *MSTN_SNPchr2_6215942* с показателями развития молодняка

В процессе изучения развития молодняка опытных групп установлено, что живая масса телок II группы превышала I в следующей динамике: при рождении на 0,8 кг (2,4 %), в 6 месяцев на 4,5 кг (2,5 %), в 10 месяцев на 6 кг (2 %), в 12 месяцев на 18,3 кг (5,4 %). Сравнительный анализ по гену *DGAT1_SNPchr14_1802265* показал превосходство телок с генотипом *GA* и четкое доминирование II группы над сверстницами, соответственно в изучаемые периоды развития, на: 0,3 кг (3,8 %) – 10,9 (5,8 %) – 17,2 (5,6 %) – 43,3 (11,8 %).

Анализ развития молодняка, в структуре гена *MSTN_SNPchr2_6215942* показал наибольший рост живой массы у животных с генотипом *CC*. Установили, что превосходство II группы над I составило соответственно на 1,4 кг (41 %) – 29 кг (15 %) – 7,1 кг (2,3 %) – 34,6 кг (3,3 %) (P < 0,05).

Основной проблемой при обобщении результатов исследований является выявление эталонных признаков. Многие ученые считают наиболее эффективным – кластерный анализ по двум и более локусам. В связи с этим был проведен анализ сочетания генотипов *DGAT1_SNPchr14_1802265* и *MSTN_SNPchr2_621594* (табл. 8).

Таблица 8 – Развитие ремонтных телок в структуре локусов (X±Sx, n=75)

Локус		Живая масса, кг			
DGAT1	*MSTN*	при рождении	в 6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
I группа					
GG	*CC*	32,0±2,1	191,8±14,3	308,8±24,5	344,7±11,2
	CT	32,9±1,3	177,3±14,2	298,9±13,9	336,8±7,2
GA	*CT*	33,3±1,8	176,2±14,9	294,8±19,8	329,0±22,6
	CC	34,8±2,3	176,0±12,3	288,8±18,2	318,0±11,3
II группа					
GG	*CC*	32,8±1,8	173,6±24,4	286,2±36,0	335,5±41,7
	CT	34,0±1,4	181,8±11,9	289,0±22,9	336,0
GA	*CC*	35,1±0,9	196,7±16,5	324,2±18,6	385,0±37,6
	CT	33,6±1,9	182,1±17,2	301,4±28,9	352,0±19,6

Установили, что при сочетании в локусах *DGAT1* и *MSTN,* оптимальное повышение живой массы наблюдается у телок I группы с генотипом *GG* x *CC*, а для II группы оптимальный генотип *GA* x *CC*, превосходство которого составило соответственно: 3,1 кг (0,1 %) – 4,9 кг (2,5 %); 15,4 кг (4,8 %), 40,3 кг (10,5 %) (P<0,05). Полученные данные подтверждают необходимость комплексного подхода к изучению достоверности происхождения и показателей продуктивности у высокопродуктивного молодняка крупного рогатого скота.

4. Эффективность использования *STR*-маркеров и *SNP*-чипа

В силу сложившихся тенденций и затрат на производство продукции в базовом племенном хозяйстве, проведение генотипирования *SNP*-чипом рентабельно только для выделения молодняка в селекционную группу, так как в структуре общей прибыли они занимают 5,7 %, что на 0,4 % меньше, чем при выделении молодняка с более низким индексом РИТ.

Таблица 9 – Эффективность использования *STR*-маркеров и *SNP*-чипа

Показатели	РИТ телок, тыс. кг молока	
	8,6	11,3
Себестоимость 1 кг живой массы, руб.	96	
Прибыль (молоко и продажа молодняка), тыс. руб.	105,8	115,0
Выплата субсидий на содержание маточного племенного поголовья, на 1 условную голову, тыс. руб.	39,0	
Затраты на генотипирование 1 гол. *SNP*- чипом, тыс. руб.	6,5	
В структуре субсидий, %	16,0	
Затраты в общей прибыли, %	6,1	5,7
Исследование микросателлитов *STR*- метод (*n*=16), тыс. руб.	2,0	
В структуре субсидий, %	5,0	
Затраты в общей прибыли, %	1,8	1,7
Рентабельность выращивания телок		
в структуре генов-маркеров *DGAT1* и *MSTN* (*GG* x *CC*), %	2,2	7,3
генотип (*GA* x *CC*), %	2,3	7,1

При продаже молодняка проведение исследований только на достоверности происхождения рекомендуется проводить по микросателлитным локусам (STR=16) занимающих до 1,8 % от прибыли и 5 % от суммы субсидий, получаемых на содержание племенного поголовья.

Проведение генотипирования современными методами позволят довести рентабельность выращивания молодняка до 7,3 %.

ВЫВОДЫ

1. Популяция быков-производителей, формирующих высокопродуктивное поголовье, составляет массив голштинской породы черно-пестрой масти. В родословную Р. Соверинг 198998 (от продолжателей: B. Emory 2114601, H.-H.C. Manfred 2183007; R-B. Tabo 17121203) входит 75 % быков, от общей численности, в родословную В.Б. Айдиала 1013415 (S.V. Bolton 13182833 и C.P. Mtoto 60010001962) – 15 %. Все быки свободны от носительства генетических заболеваний.

2. Расчетом коэффициента инбридинга F_{is}, в родословной В.Б. Айдиала 1013415, выявили дефицит гетерозиготных состояний по 46 % локусам: *BM1824, ETH3, SPS115, TGLA126, MGTG4B, SPS113* (F_{is} от –0,333 до –0,733), а родословной Р. Соверинг 198998 в 57 %: *CYP21, INRA023, RM067, TGLA126, TGLA122, SPS113*. В родословной Р. Соверинг 198998 установили значительный дефицит гетерозигот (локусы: *MGTG4B* и *SPS115).*

3. Путем расчета маркерных индексов (*MI*) выявили, что 64 % микросателлитных локусов имеют показатель свыше 3 ед. (*BM1824, BM2113, ETH225, RM067, SPS115, TGLA126, TGLA122, MGTG4B, SPS113*), с показателем до 2,7 ед. – 45 % аллелей (*BM1818, CYP21, ETH3, INRA023*). Следовательно, перечисленные локусы возможно применять в качестве маркеров достоверности происхождения.

4. Изучением продуктивности за 305 дней лактации среди коров с третьей лактацией и старше установили превосходство животных Р. Соверинг 198988 над В.Б. Айдиала 1013415 на 622 кг молока 6,8 % ($P \leq 0,05$), и поголовьем М. Чифтейн 95679 на 638 кг (7,0 %; $P \leq 0,01$). Содержание жира и белка в молоке по всем родословным превышает на 130 % требований 1 класса породы.

5. Уровень наблюдаемой *(Ho)* гетерозиготности по микросателлитным локусам (*STR*-метод) у коров голштинской породы черно-пестрой масти составил от 0,616 (*BM1818*) до 0,945 (*SPS115*). Выявлены локусы приоритетные для отбора коров-рекордисток: *BM2113*; *CSSM66*; *ETH225*; *ILSTS006*.

6. Доверительный интервал по коэффициенту инбридинга (*Fis*) у коров составляет 95 %, подтверждает устойчивую генетическую структуру исследованной популяции животных голштинской породы. Индекс *MI* показал высокую эффективность использования, в качестве *STR*-маркеров происхождения для четырех локусов (*BM2113*; *CSSM66*; *ETH225*; *ILSTS006*).

7. Предложенная схема отбора ремонтных телок, при формировании высокопродуктивных групп молодняка, эффективна для молодняка с показателями индекса РИТ свыше 11,3 тысяч кг молока.

8. Панелью *SNP*-чипа определены и отобраны однонуклеотидные полиморфизмы, отвечающие критериям *SNP*-маркеров для создания пользовательского ДНК-чипа по определению достоверности происхождения в селекционной группе молодняка:

– по основным *SNP*: *ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174* (генотип *GA*); *ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287* (генотип *CT*) и *ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs* (генотип *AG*);

– по дополнительным *SNP*: *ARS-BFGL-NGS-86662* (генотип *GT*) и *Hapmap51227-BTA-41809* (генотип *GA*).

9. У молодняка опытных групп установили негативные сочетания в *SNP* связанных с заболеваниями: *LRP4* (*SNP* №212) – 3 % поголовья (генотип *AA); SMC2_SNPchr8_95410507* (*SNP* №259) – 2 % (*TT*); *SNPchr8_108833985* (*SNP* №207) – 11 % (*AA*).

10. По ген-маркерам продуктивности выявлена значительная дифференциация молодняка в разрезе следующих *SNP*: *DGAT1_SNPchr14_1802265* (*SNP* №222) и – *MSTN_chr2_6215942 (SNP* №233). В I группе при сочетании генотипов *GG* x *CC* в генах-маркерах *DGAT1* и *MSTN*, животные имеют живую массу превосходящую другие генотипы на 23,8 кг (12,4 %). Во II группе (селекционной) наибольшее развитие имеют телки с генотипами *GA* x *CC,* преобладание составляет от 2,1 до 49,5 кг (0,6 – 14,7 %).

11. Оценка структуры волосяного покрова молодняка показала, что в летний период содержание пуха снизилось только в II группе на 0,93 % (P<0,005).

12. Проведение генетических исследований с использованием *SNP*-чипа при создании поголовья крупного рогатого скота, с продуктивностью свыше 11,3 тыс. кг молока, дают возможность выявить животных, способствующих получению рентабельности выращивания молодняка до 7,3 %.

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

1. При формировании группы высокопродуктивного молодняка рекомендуем отбирать поголовья с генотипами *GG* x *CC* и *GA* x *CC* в локусах *DGAT1* и *MSTN*.

2. При создании высокопродуктивных популяций проводить генотипирование *STR*-методом и *SNP*-чипом, способствующим повышению рентабельность выращивания молодняка в среднем на 4,3 %.

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Планируется изучить показатели воспроизводства и молочной продуктивности поголовья в опытных группах. Изучить эффективность применения генотипирования животных в хозяйствах, занимающихся товарным производством молока.

Список работ, опубликованных по теме исследования

публикации в рецензируемых научных изданиях:

1. Шуклин, С.Ю. Генетическое разнообразие крупного рогатого скота, разводимого в Краснодарском крае / А.Г. Кощаев, **С.Ю. Шуклин**, И.В. Щукина // Аграрный вестник Урала – 2017. – № 12. (166). – С. 29–38.

2. Шуклин, С.Ю. Формирование селекционной группы ремонтного молодняка / **С.Ю. Шуклин**, А.Г. Кощаев, И.В. Щукина // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2019. – № 3(78). – С. 183–190.

3. Шуклин, С.Ю. Генетическое разнообразие быков-отцов, формирующих генофонд высокопродуктивного поголовья / И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин,** А.Г. Кощаев//Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2020. – № 82. – С. 171–178.

публикации в других изданиях:

4. Шуклин, С.Ю. Эффективность использования кубанского типа красной степной породы / **С.Ю. Шуклин**, Ю.Г. Щукин / Сборник материалов 40-ой научной-практической конференции молодых ученых «Научный потенциал молодых ученых для создания инновационных технологий в АПК». – Смоленск: ФГБУ ВПО «Смоленская ГСХА», 2015. – Ч. II. – С. 380–382.

5. Шуклин, С.Ю. Прогнозирование продуктивности крупного рогатого скота / И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин** // Инновационные пути импортозамещения продукции АПК: Материалы международной научно-практической конференции, 23-24 апреля 2015 г. – пос. Персиановский: Донской ГАУ, 2015 г. – С. 83–85.

6. Шуклин, С.Ю. Биоресурсный потенциал волосяного и кожного покрова молодняка крупного рогатого скота/ **С.Ю. Шуклин**, Ю.Г. Щукин // Материалы международной научно- практической конференции: «Приоритетные направления развития АПК». – Курганская ГСХА, 2015. – С. 294–296.

7. Шуклин, С.Ю. Эффективность использования быков-производителей в программах селекции / **С.Ю. Шуклин** // Сборник статей по материалам XI Всероссийской конференции молодых ученых «Научное обеспечение агропромышленного комплекса» посвященной 95-летию Кубанского ГАУ и 80-летию со дня образования Краснодарского края (29-30 ноября 2017 г.). – Краснодар: КубГАУ, 2017. – С. 981–982.

8. Шуклин, С.Ю. Формирование высокопродуктивных генетических ресурсов в скотоводстве и свиноводстве на различных уровнях (региональный и сельхозтоваропроизводители) на примере хозяйств Краснодарского края поголовья сельскохозяйственных животных на генетическом уровне /А.Г. Кощаев, В.В. Радченко, **С.Ю. Шуклин** [и др.] // Методические рекомендации. - Краснодар: КубГАУ. – 2017. – 77 с.

9. Шуклин, С.Ю. Использование различных породных массивов крупного рогатого скота для производства говядины на юге России / Х.А. Амерханов, А.Г. Кощаев, И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин** // Книга. – Краснодар: КубГАУ. – 2017. – 320 с.

10. Шуклин, С.Ю. Формирование генофонда крупного рогатого скота в Краснодарском крае / А.Г. Кощаев, И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин** // Методические рекомендации. – Краснодар: КубГАУ. – 2017. – 24 с.

11. Шуклин, С.Ю. Организация региональной иммуногенетической и молекулярно-генетической экспертизы (в скотоводстве, свиноводстве) с использованием различных методов генетических исследований (на выявление конкретных заболеваний, улучшение определенных продуктивных качеств) / А.Г. Кощаев, В.В. Радченко, **С.Ю. Шуклин** [и др.] // Методические рекомендации. - Краснодар: КубГАУ. – 2017. – 67 с.

13. Шуклин, С.Ю. Формирование генофонда высокопродуктивного поголовья крупного рогатого скота в Краснодарском крае / А.Г. Кощаев, С.Ю. Шуклин, О.Н. Еременко // Научно-технологическое обеспечение агропромышленного комплекса России: проблемы и решения: Сборник статей по материалам II Нац. конф. – Краснодар: КубГАУ, 2018. – С. 60.

14. Шуклин, С.Ю. Научное обоснование инновационных технологий производства говядины на юге России / Х.А. Амерханов, И.М. Дунин, А.Г. Кощаев, И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин** // Книга. – Краснодар: КубГАУ, 2019. – 472 с.
15. Шуклин, С.Ю. Биотехнологические методы выращивания молодняка крупного рогатого скота: Учебное пособие / А.Г. Кощаев, А.Т. Зарецкий, И.В. Щукина, **С.Ю. Шуклин** // Краснодар: КубГАУ, 2019. – 171 с.
16. Шуклин, С.Ю. Мониторинг численности племенного крупного рогатого скота голштинской породы в Краснодарском крае / **С.Ю. Шуклин**, А.Г. Кощаев, О.Н. Еременко // Институциональные преобразования АПК в условиях глобальных вызовов: Сборник статей по материалам III Междун. конф. // Краснодар: КубГАУ, 2019. – С. 56–57.
17. Шуклин, С.Ю. Использование ДНК маркеров для прогнозирования продуктивности голштинской породы крупного рогатого скота / **С.Ю. Шуклин**, А.Г. Кощаев, И.В. Щукина // Научно-технологическое обеспечение агропромышленного комплекса России: проблемы и решения: Сборник статей по материалам III Нац. конф. – Краснодар: КубГАУ, 2019. – С. 78–79.