МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«КУБАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ И. Т. ТРУБИЛИНА»

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

ДИССЕРТАЦИЯ

на соискание ученой степени кандидата биологических наук

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

Краснодар – 2021 г.

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ 4
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ 11
1.1 Генетические особенности высокопродуктивного крупного рогатого скота.....11
1.2 Использование ДНК-анализа и молекулярно-биологических маркеров для изучения генофонда 20
1.3 Полиморфизм сочетания аллелей в генах и их взаимосвязь с продуктивностью.....27
2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ 31
3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ.....45
3.1 Популяционно-генетический анализ разнообразия быков, участвующих в формировании генофонда 45
3.2 Исследование коров по продуктивным, воспроизводительным качествам и достоверности происхождения 54
3.3 Аллельный полиморфизм молодняка 68
3.3.1 Формирования селекционной группы молодняка 68
3.3.2 Изучение достоверности происхождения молодняка 72
3.3.3 Структура генов-маркеров продолжительности производственного использования молодняка 79
3.3.4 Разнообразие генов-маркеров продуктивных качеств молодняка 84
3.3.5 Сопоставление данных ген-маркеров MITF_SNPchr22_31746502 и MITF_SNPchr22_31769189 с микроструктурными исследованиями кожи при изучении адаптации поголовья 88
3.3.6 Связь генов *DGAT1_SNPchr14_1802265* и *MSTN_SNPchr2_6215942* с показателями развития молодняка 92
4 ЭФФЕКТИВНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ *STR*-МАРКЕРОВ И *SNP*-ЧИПА ..95
ВЫВОДЫ.....98

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ.....100
ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЙ.....100
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ 101
Приложения 119

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. Важной целью «Федеральной научно- технической программы развития сельского хозяйства на 2017–2025 годы» является обеспечение стабильного роста производства сельскохозяйственной продукции... и разработка современных методов экспертизы генетического материала, используемого при ее производстве. Современная отрасль скотоводства требует ускоренного роста молочной продуктивности животных. Как считают многие ученные прогрессу генофонда разводимых животных будут способствовать создание собственной национальной базы генетических маркеров, способствующей раннему выявлению заложенной информации и установлению в отечественной популяции соотношений между фенотипом и генотипом (Кононов В.П., 2013; Амерханов, Х.А. и др., 2017; Нартикоева Л.Г., Кочисов С.А.; 2017 Nimbona C. и др.; 2019;).

Разработка селекционных индексов и компьютерных программ на базе созданных племенных книг по породам позволит получать, хранить и обрабатывать полную информацию о животных. Эти мероприятия могут быть проведены в рамках подпрограммы «Улучшение генетического потенциала крупного рогатого скота молочных пород» (Маринченко Т.Е., Королькова А.П., Горячева А.В.; 2019; Кузнецов А.В., 2019; Щербакова Н.А., 2020).

В современном мире технология производства продукции становится решающим фактором роста экономического потенциала всех отраслей животноводства. Технология определяет уровень интенсивности и эффективности производства, экологическую безопасность, биологическую и пищевую ценности продуктов питания (Горелик О.В., 2020).

Важной составляющей любого продовольственного рынка является производство молока и молочных продуктов, которое по стратегической и социально-экономической значимости, размерам вовлекаемых в него трудовых, материальных и финансовых ресурсов занимает ведущее место, как на рынке производства, так и на рынке потребления. (Лихоман А.В., и др.; 2016; Фищук Г.В., 2017; Ескин Г.В., и др., 2018).

В России основной тенденцией развития молочного скотоводства является увеличение производства и дальнейшее повышение качества коровьего молока (Куликова Н.И., Черечеча А.А.; 2020).

На производство молока наибольшее влияние оказывают пять факторов: себестоимость молока, общие затраты на производство, среднегодовое поголовье, выход приплода и цена реализации (Нартикоева Л.Г., Кочисов С.А.; 2017).

В настоящее время отечественная наука и производство не обладают высокими технологиями мирового уровня, в той мере, чтобы, используя их в качестве «инструмента», полноценно управляя через генетику себестоимостью и качеством мяса, молока, как это делают современные генетические компании (Генезис С., 2018). Научный подход к кормлению, состоянию содержания и формированию целенаправленной наследственности способствует повышению продуктивности коров (Nimbona C., Kulikova N.I., Butore J., Ntunzwenimana M.; 2019).

Широкомасштабное использование инновационных технологий, принципов геномной селекции и 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.

Основная причина необходимости сохранения и улучшения используемых генофондов – это получение высокопродуктивных, приспособленных к различным условиям животных для организации органического сельского хозяйства.

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

В тоже время внедрение современных методов воспроизводства и международная торговля племенным материалом привели к глобальному распространению нескольких так называемых коммерческих американских (голштинская

порода из США и Канады) и западноевропейских пород, которые обладают высоким потенциалом продуктивности, но требовательны к качеству кормов, зоогигиеническим условиям, для работы с этими породами необходима соответствующая квалификация персонала. (Улимбашев М.Б., Алагирова Ж.Т.; 2016).

По данным научных институтов (ВИЖ, СПбГАВМ), около 30 % завозимого в России генетического материала является носителями какого - либо генетического дефекта в гетерозиготном состоянии. В отдельных стадах эта цифра может быть значительно выше (Жигачев А.И., Эрнст Л.К., Богачев А.С.; 2008; Кощаев А.Г. и др., 2017).

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

Диссертационная работа является частью тематического плана НИОКР, утвержденного Ученым советом Кубанского ГАУ на 2016-2020 гг. (прот. №1 от 25.01.2016) «Разработка новых методов и способов производства высококачественной продукции животноводства в Краснодарском крае на основе современных ресурсосберегающих адаптированных систем и технологий» (№ госрегистрации АААА-А16-116022410037-1), а также вошла в следующие научно-исследовательские проекты, выполненные в рамках подготовки отчетов по государственным заданиям Минсельхоза России: «Внедрение методов генетических исследований, и разработка единой информационной системы идентификации сельскохозяйственных животных» (2017 г.), «Анализ аллельной структуры поголовья крупного рогатого скота молочного и мясного направления продуктивности методом таргетного секвенирования и совершенствование единой информационной системы идентификации сельскохозяйственных животных» (2018 г.) и «Анализ генетических характеристик высокопродуктивного

молочного поголовья методом таргетного секвенирования и разработка программного продукта с целью оптимизации и индивидуализации подбора семени при искусственном оплодотворении» (2019 г.).

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

Для выполнения поставленной цели нами были 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 ста-

тистики, 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.

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1 Генетические особенности высокопродуктивного крупного рогатого скота

Главными элементами интенсификации в скотоводстве являются полноценное кормление животных, качественное преобразование стад и пород путем проведения систематической селекционно-племенной работы (Дунин И.М., Амерханов Х.А.; 2017; Иванова И.П. и др., 2018; Сафина Н.Ю. и др., 2020; Племяшов, К.В. и др., 2021).

Целенаправленная селекционная работа в молочном скотоводстве повлияла на усиление процессов интенсификации отрасли (Ruban S. и др., 2017; Маринченко Т.Е., 2019; Кудинов А.А. и др., 2019; Николаев, С.В., 2020).

В связи с продолжающимся сокращением численности коров встал вопрос о выборе пород для интенсивного разведения, обеспечивающих высокую эффективность производства продукции, при сохранении их способности к расширенному воспроизводству (Kataria, R.S. и др., 2011, Чинаров В.И. 2019; Селионова М.И. и др., 2019).

В условиях интенсивного молочного скотоводства особое значение приобретает получение и племенное использование высокопродуктивных животных, характеризующих потенциальные возможности и качества породы: генетические, хозяйственно-полезные, биологические, племенные (Жигачев, А.И и др., 2008; Амерханов Х.А. и др., 2019; Коробков Е.В. и др., 2021).

В Российской Федерации, в общей численности крупного рогатого скота, ведущее положение занимают 3 породы: черно-пестрая – 54 %; голштинская – 14 %, айрширская – 3 %. Племенное поголовье коров всех пород составляет 15,1 % в их общем поголовье (Стрекозов Н.И. и др., 2012; Татаркина Н.И., 2017; Шеметюк С.А. и др., 2019).

В Краснодарском крае, в общей численности племенного крупного рогатого скота, ведущее положение занимают 3 породы: голштинская – 74,7 %,

айрширская – 13,6 %; красная степная – 5,5 %. Племенное поголовье коров составляет 11,5 % от общего племенного поголовья голштинской породы в стране. При этом в племзаводе АО фирма «Агрокомплекс» им. Н.И. Ткачева – 66,3 %; ПАО «Родина» Каневского района и АО «Агрокомплекс «Павловский» Павловского района соответственно по 9,2-9,4 %, разводится основная часть высокопродуктивного поголовья. Продуктивность дойного поголовья голштинской породы по краю превышает общероссийский показательна 4,3 % и составляет 8944 кг (Кощаев А.Г. и др., 2017).

Племенные хозяйства служат основой высокопродуктивного животноводства, главная задача которого заключается в производстве наибольшего количества продукции (молока, мяса и др.) высокого качества при наименьших затратах труда и средств (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 и, как следствие, к ее стагнации. В связи с этим изучение их племенных качеств и хозяйственно-полезных признаков является актуальным (Федоренко В.Ф. и др, 2018; Чинаров В.И., 2019; Михайлова И.Ю. и др., 2021).

За последние десятилетия во многих странах (в т. ч. Республике Беларусь), при значительно увеличении продуктивности коров, сократился срок продуктивного использования коров до 2,5-2,8 лактации, что недостаточно для полной реализации генетического потенциала животных, который раскрывается только на 5-6-й лактации (Казаровец Н.В. и др.; 2019).

Высокопродуктивные коровы имеют большое значение в совершенствовании породы, поэтому изучение их молочной продуктивности с дочерями в конкретном стаде позволяет повысить результативность селекционно-племенной работы (Холодова Л.В. и др.; 2019). Это высказывание поддерживается и другими учеными, считающим, что для эффективного управления селекционным процессом необходима полная, качественная и надежная информация, как

об отдельном животном, так и о породе в целом (Абугалиев С., Шамшидин А.; 2012; Селионова М.И. и др., 2019).

О высокой ценности животных, говорит тот факт, что на выставке «Звезды Подмосковья» в 2018 г., телка по кличке «Майна-М» была продана за 120 тысяч рублей, финальная цена в полтора раза превысила стартовую. Это результат целенаправленной селекции в ОАО «Московское» по племенной работе»: отец телки знаменитый бык-производитель «улучшатель удоя», компонентов молока, экстерьера потомства, носителя бета казеина А2А2.

В Московской области по итогам 2018 года лучшей коровой (инвентарный номер 13078577) признано животное с продуктивностью за 305 дней по второй лактации – 16085 кг молока, содержание жира – 3,73 %, белка – 3,28 % (Жаров И.Н. и др., 2018).

ВНИИ племенного дела в «Базу данных по национальному генофонду сельскохозяйственных животных – племенного КРС молочного направления продуктивности» за 2019 г. по Краснодарскому краю внесло корову - рекордистку голштинской породы с инвентарным номером 13142, принадлежащую племзаводу «Родина» Каневского района с показателями продуктивности за 305 дней лактации – 16130 кг молока, производства жира молока – 634 кг, производство молочного белка – 490 кг.

После проведения экспертной оценки поголовья, представляемого на ведущей российской выставке племенных животных ученые: И.Н. Янчуков, А.И. Ермилов, А.А. Ермилов (2018) отмечают, что в условиях Российской Федерации у разводимого скота необходимо, на перспективу, улучшать все показатели молочной продуктивности и тип телосложения. С таким мнением согласен В.П. Кононов (2013), отмечающий что особенностью голштинской породы является сформированная, в процессе селекции, ярко выраженная лактационная функция, которая обуславливается изменениями в интенсивности обмена веществ. Как показал опыт изучения голштинизации в Краснодарском крае, процесс поглощение ведущей мировой породой не всегда в лучшую сторону,

меняет биологические и хозяйственно-полезные признаки скота относительно материнской породы. (Кузнецов А.В., 2019).

При этом основная задача, стоящая при отборе нужных генотипов – это оценка племенной ценности животных, способствующая повышению генетического потенциала продуктивных показателей у последующего поколения (Сатыгул С.Ш. и др.; 2009; Шамшидин А.С. и др., 2017; Ротарь Л.Н., Позовникова М.В., 2019).

Изучение взаимосвязей между уровнем продуктивности и продолжительностью жизни маточного поголовья выявило антагонизм между этими показателями, который возник по двум основным причинам: односторонняя селекция на продуктивность, и нарушения в кормления (отсутствие мульти факториальных систем питания, адекватного функциональным возможностям организма в конкретной технологической среде). Ряд авторов сходятся во мнении, что снижение продолжительности хозяйственного использования животных с высокой долей кровности по голштинской породе связано с несоответствием потребностей животных, с уровнем кормления и недостаточным контролем за состоянием стад (Щербакова Н.А. и др.; 2020).

Сегодня широкомасштабное поглощение местных пород коммерческими, в т. ч. голштинской, продолжается. При этом помесные популяции сохраняют местные названия в то время как генетическими они таковыми уже не являются. Зарубежные ученые считают, смесь европейского и восточно-азиатского крупного рогатого скота является уникальной по сравнению с другими североамериканскими породами (Decker J.E., Taylor J.F., Kantanen J., Millbrooke A.; 2016).

Теоретический анализ выживаемости коров с использованием функции Гомпертца выявил положительную взаимосвязь между средней длительностью хозяйственного использования и величиной, обратной интенсивности выбытия за первую лактацию. Установлено, что динамика надоев за 305-дн. лактации, в ряду последовательных лактаций детерминирована сочетанием

значений двух параметров: потенциала продуктивности (тыс. кг) и потенциала жизнеспособности (относительная величина, отражающая темп возрастного снижения степени реализации потенциала продуктивности) (Черепанов Г.Г. и др.; 2017).

В хозяйствах Уральского региона анализ сокращения сроков хозяйственного использования коров показал, что животные выбывали в основном по причинам заболевания конечностей (27,5 %), вымени (13,6 %) и патологии воспроизводительной системы (17,3 %), и низкой продуктивности (Лоретц О.Г., 2014).

В связи с этим А.В. Кузнецов (2019) эффективность коровы за оцениваемую лактацию предлагает рассчитывать с учетом живой массы и продуктивности по формуле: *эффективность коровы за 305 дн. лактации = [(выход молочного жира за 305 дн, кг + выход молочного белка за 305 дн, кг) / живая масса, кг] Х 1000.*

Исследованиями коров с более 8000 кг молока за лактацию племзавода «ФГУП ПЗ «Учхоз ГАУСЗ», было доказано, что продуктивность коров-рекордисток по второй лактации более высокая, чем от полновозрастных коров. С экономической точки зрения повышение продуктивности коров до 8,9 тыс. кг увеличивает уровень рентабельности только при сбалансированном кормлении высокопродуктивных коров (Татаркина Н.И., 2017).

Отбором, проведенным на высокопродуктивных коровах-первотелках уральского типа, в Свердловской области, была выделена группа с продуктивностью 10747 кг молока, с жирномолочностью 3,8 %, содержанием белка 3,25 %. В результате исследований установлено, что с увеличением молочной продуктивности коров от 10433 кг до 13356 кг молока, жирномолочность первотелок достоверно снижается от 3,81 % до 3,77 %, соответственно белковомолочность повышается от 3,25 % до 3,37 %. Анализ конституциональных осо-

бенностей коров-первотелок доказывает, что с увеличением молочности животных, пропорционально улучшаются значения промеров статей экстерьера исследуемого поголовья (Лешонок О.И., 2018).

При создании семейств в племенном заводе «Орошаемое» Нижневолжского региона было установлено что возможно создать группы животных, отличающиеся или высокой молочностью коров потомков от 7,5–8,5 тысяч кг молока, или высокой массовой долей жира молока 3,6 –3,92 %. (Коханов М.А., Коханов А.П.; 2014).

По убеждению В.С. Матюкова, Я.А. Жарикова, Н.А. Зиновьевой (2018) голштинскую породу в течение более двух столетий интенсивно и целенаправленно отбирали по молочной продуктивности в условиях стабильного и достаточного сбалансированного кормления. В связи с этим она отличается крупным телосложением, специфическим эндокринным статусом, бедностью мускулатуры, нежностью костяка, и др. благодаря которым голштинская корова способна на единицу массы потребить большое количество корма и превратить его в питательные вещества в молоко.

В условиях Западной Сибири, при формировании селекционной группы коров рекомендовано отбирать животных, крепкого телосложения, при отсутствии пороков, с молочной продуктивностью, превышающей среднее по стаду: по удою – 27 %, массовой доле жира и белка на 0,08 и 0,03 % соответственно. Наличие достаточного количества маточного поголовья в селекционной группе необходимо для получения и выращивания ценного племенного материала, т.к. обуславливает увеличение уровня продуктивности в последующих поколениях. (Иванова И.П., Троценко И.В., Борисенко С.В.; 2018).

Учитывая уникальную высокую продуктивность молочного стада проблема получения высокопродуктивных коров интересует в настоящее время широкий круг специалистов – биологов, генетиков, зоотехников-селекционе-

ров. Общеизвестно, что при современной, особенно крупномасштабной селекции, эффект на 80–90 % зависит от быков-производителей (Стрекозов Н.И. и др.; 2012).

В работах Уральских ученых отмечается, что интенсивность отбора и скоростью ремонта стада, рост продуктивности у дочерей, напрямую связан с показателем продуктивного долголетия коров. Для этого в селекционной работе желательно использовать быков-производителей, потомство которых отличается более высоким сроком продуктивной жизни и лучшими адаптационными качествами с параметром «продуктивное долголетие». (Лоретц О.Г., 2014).

Понятие племенной ценности в мире не является универсальным. В разных странах в него вкладывают разный смысл, базирующийся на местных условиях, рынке и традициях. За различными селекционными индексами скрываются различные стратегии и цели разведения. Для повышения уровня продуктивности, без потерь плодовитости и здоровья, необходимо подходить к выбору производителей осмысленно и ответственно, уделяя серьезное внимание прямым показателям здоровья, воспроизводства и продуктивного долголетия, и в меньшей степени – выставочному экстерьеру (Тяпугин Е.А. и др., 2014).

Нужно вооружиться пониманием, как правильно пользоваться ключевым инструментом современной селекционно-племенной работы, и тогда рекламные каталоги с колонками «непонятных» цифр действительно окажут помощь в эффективном подборе быка, а красивые фотографии животных в них не станут единственным доводом в пользу приобретения дорого семени от производителя, не являющимся оптимальным выбором для российских условий производства. Достичь улучшения поголовья без потерь в функциональности – значит увеличить рентабельность производства, ведь производителю важно не «молоко любой ценой», а молоко, обеспечивающее максимально возможную прибыль (Стрекозов Н.И. и др.; 2012).

При подборе быков-производителей необходимо учитывать проявление полового диморфизма, т.к. наблюдается следующая закономерность, чем выше этот показатель, тем выше воспроизводительная способность спермы выше (на 6,5–14,2 %); интенсивность роста потомства (2-20 %) (Goncharenko I., Vinnichuk D.; 2015).

В хозяйствах Ставропольского края широкое внедрение в систему воспроизводства сексированного семени быков голштинской породы, позволило увеличить количества рождаемых тёлочек от собственного высокопродуктивного маточного поголовья и дополнительно получить 889,9 тыс. рублей. (Ковалева Г.П. и др.; 2018).

Признание ведущей роли отца в генетическом совершенствовании стада не снижает значения отбора, так как его генотип реализуется в потомстве через подбор. Отбор является первоначальной фазой селекции, а подбор пар из числа отобранных маток и производителей с целью получения от них более высокопродуктивного потомства – вторым, завершающим этапом селекции (Лоскутов С.И. и др.; 2015).

Многие понимают все сложности, связанные с изучением генетической природы в т. ч. и за счет инбридинга т. к. результаты его использования в практике животноводства обычно очень противоречивые. Однако И.Ю. Подречнева (2016) отмечает, что из 254 исследованных высокопродуктивных животных 26 % получены с применением инбридинга. В связи с этим, отмечает этот же автор, для получения коров с высокой молочной продуктивностью в повторный подбор необходимо назначать быков с высокой племенной ценностью.

Происхождение быков-производителей, занимающих в рейтинге TPI голштинской ассоциации Америки лидирующее положение говорит о постоянном использовании за рубежом кросса линий. Использование этих быков ведет к значительному увеличению генетического потенциала, но при этом снижается генетическое разнообразие. Работа на эффект гетерозиса позволяет не

только увеличивать продуктивность, но и в более ярком выражении, линейных признаков экстерьера коров первотелок (Крысова Е.В., 2018).

При изучении эффективности подбора родительских пар установлено, влияние отцов на признак белковомолочности в несколько раз превышает влияние матерей, т.к. 80 % производителей увеличили удой, 60 % массовую долю жира и 71 % долю белка. Дочери быков (100 %) превышают стандарты породы (2010 года) по удою, МДЖ только на 20 % и соответствует требованиям по МДБ (Прищеп Е.А., и др.; 2019). Эти же авторы рекомендуют что наиболее эффективно проводить сравнение дочерей с показателями их матерей, при этом вести отбор за первую лактацию.

В племзаводе «Пушкинское» от коров черно-пестрой породы с использованием быков голштинской породы канадской и местной селекции получено поголовье, с продуктивностью свыше 7,0 тыс. кг молока за лактацию, позволяющее выделить его как новый тип Нижегородского высокопродуктивного скота. (Воробьева Н.В., Комиссарова Т.Н., Шишкин А.В.; 2016).

Путем сравнения адаптивных способностей голштинского скота при интродукции в хозяйства предгорной зоны (ООО «Агроконцерн «Золотой колос», ООО «Союз-Агро») Кабардино-Балкарской Республики, установлено что у коров отечественной и американской селекции, в сравнении с местной породой, наблюдалось повышение продуктивности. Они превосходили по удою: за 1-ю лактацию на +2227 кг, во 2-ю - на +2465 кг. Выход молочного жира и белка оказался выше в группах американского происхождения: на 47,9-74,8 кг, количество МДБ на 41,0-63,3 кг. Все это свидетельствует о достаточно успешной акклиматизации голштинского скота отечественной и американской селекции в условиях республики (Улимбашев М.Б., Алагирова Ж.Т.; 2016).

Таким образом установлено, что проблема повышения эффективности молочного скотоводства приобрела большую актуальность. Только изучение генотипа высокопродуктивных животных, характеристика их генетических,

племенных качеств и нормы реакции на влияние условий среды, позволит формировать высокопродуктивное потомство (Баранова Н.С., Баранов А.В., Подречнева И.Ю.; 2017).

Для этого все шире разрабатываются внедряются современные методы исследований молекулярно-биологических механизмов проявления генотипической информации, заложенной в животных.

1.2 Использование ДНК-анализа и молекулярно-биологических маркеров для изучения генофонда

Генофонд крупного рогатого скота в Российской Федерации до 2005 года исследовался в основном за счет использования *EAB*- локуса групп крови в качестве генетического маркера. Как показывает динамика, сравнения с 1998 годом, произошло сокращение числа аллелей на 68 видов. При этом наблюдалась увеличение гомозиготности на 1 %, и сходство с голштинской породой до r_m=0,862. Наряду с повышением молочной продуктивности, до 9200 кг молока за стандартную лактацию, улучшением экстерьера и морфофункциональных свойств вымени коров в племенных заводах удалось сохранить признаки исходной черно-пестрой породы хозяйства, характеризующейся аллелями: $B_1G_2KO_4Y_2E'_3O'$; $B_1G_2KO_4Y_2$; $D'E'_3F'_2$; $B_1G_2KO_4E'_1G'J'_1K'O'G''$; $B_2O_1Y_2O'$; $B_2O_1Y_2P'_2Q'$; B_1T_1E, 3F'2; $B_2P_2T_1A$; 1D'G'I'O'; $B_2T_2A'_1D''$; $P_1E'_4$, P_1I''; Q, $Y_1A'_1Y'$; $B'E'_3F'_2G'$; $D'O'$ (Попов Н.А., Марзанова Л.К., 2016).

Подобная тенденция, хотя и менее заметная прослеживается при изучении маркерных аллелей родоначальниц высокопродуктивных семейства. Выявлено, что высокая молочная продуктивность отмечена у коров, гомозиготных по аллелю *EAB*–локуса $B_1O_3Y_2A_2'E_3'G'P'Q'Y'$ и низкая – у гомозиготных по аллелю «b». Ряд ценных аллелей: $B_1I_1T_1A_1'P'$; $E_3'G''$; G_2O'; $G_2E_3'F_2'O'$; O_1 и $B_2P_2T_2P'$, не имеет широкого распространения у коров заводских семейств. Для оптимизации

системы подбора с использованием *EAB*- локуса групп крови в качестве генетического маркера, предлагаются варианты *AB/BB, AB/AB, BC/AA, AB/CD* и *AB/BC* (Баранова Н.С., Баранов А.В., Подречнева И.Ю.; 2017).

Исследованиями установлено, что за три последних поколения у коров активной части популяции холмогорского скота, значительно изменилась генетическая структура *EAB*-локуса. Стали реже встречаться типичные аллели: *A'O'; E_2'G'G'; Q'E_2Q и O_2.* Наиболее сильное влияние на изменение широты генетической изменчивости в маточных стадах оказывают используемые производители (Прожерин В.П., Ялуга В.Л., Селькова И.В., Степанова Л.И.; 2018).

В.С. Матюков, Я.А. Жариков, Н.А Зиновьева (2018) считают, что скрещивание с голштинами меняет межлокусные комбинации генов.

Ряд авторов отмечают что данное обстоятельство весьма важно с позиции рационального использования генофонда. Для сохранения изменчивости крупного рогатого скота требуется построение собственной генетической и генеалогической структуры, обеспечение безопасности разведения отечественной популяции пород из-за распространения наследственных болезней, поддержание уровня индивидуальной и групповой гетерозиготности (Седых Т. А. и др., 2014; Бушмелева П.В. и др., 2019; Чижова Л.Н., Селионова М.И. и др., 2020).

Сужение аллелофонда связано с поглотительным скрещиванием местного маточного поголовья с быками голштинской породы, и импортом быков-производителей, маток (Зиннатова, Ф.Ф., 2018, Shevtsova, A. A. и др., 2018; Efimova I.O., Akhmetov T.M. и др.; 2020).

Широкое использование голштинского скота в Российской Федерации привело к повышению молочной продуктивности и улучшению технологических качеств молочного скота. Однако были выявлены определенные проблемы с состоянием здоровья и адаптацией импортных животных. Высокая молочная продуктивность неизбежно приводит к ослаблению иммунитета и

фертильности, уменьшению способности противостоять стрессу. Восприимчивость высокопродуктивных коров ко многим заболеваниям в конечном итоге снижает продуктивность, плодовитость и срок хозяйственного использования (Китаёв Ю.А., 2020).

Генетическое улучшение пород молочного направления продуктивности в значительной степени осуществляется за счет интенсивного использования глубокозамороженной спермы наиболее ценных быков-производителей (Шаталина, О.С. и др., 2021).

Основную долю (68 %) в породной структуре стада быков молочного направления, принадлежащей АО «Головного центра по воспроизводству», составляют производители голштинской породы. По результатам генетической экспертизы на быков-производителей выдаются генетические паспорта с указанием аттестации на десятки моногенных заболеваний, летальных гаплотипов и носительство генов, отвечающих за хозяйственно-полезные признаки (Шеметюк С.А. и др.; 2019).

По сообщениям сотрудников отдела молекулярной биологии Испытательного центра ФГБУ «ВГНКИ» в условиях оптимизированного ПЦР, электрофоретической детекции и пиросеквенирования коротких фрагментов генома (в областях значимых мутаций), были изучены образцы животных различных пород. Установлено, что в голштинской породе, в 6 % случаев обнаружена мутация дефицита холестерина (*HCD*), 3 % – мутация комплексного порока позвоночника (*CVM*); в 1 % – мутации дефицита XI фактора свертываемости крови (*FXID*) и брахиспинального синдрома (*BY*); 0,8 % – дефицита адгезии лейкоцитов (*BLAD*) (Сайфиев А.А., 2018).

Российскими учеными разработаны методические рекомендации по молекулярно-генетической идентификации мутаций, в которых предлагается исследовать 18 различных мутаций. Ведется разработка методик для выявления наследственных патологий, в т. ч. арахномелии (*A*), тромбопатии (*TP*), субфертильности быков (BMS) и врожденного дефицита цинка (*ZDL*) (ВГНКИ, 2019).

Кроме вышеперечисленных показателей, предлагается тестирование на носительство мутаций, ассоциированных с субфертильностью быков (*BMS*), тромбопатией (*TP*), дефицит-цинка-подобным синдромом (*ZDL*), арахномелией (*A*) (DairyNews.ru, 2019).

Эпигенетические исследования становятся все более значимыми для понимания механизмов наследования, так как изучает наследуемые изменения экспрессии (активности) генов, а не модификации самого генетического кода (Magee D.A. и др., 2010).

В качестве генетических маркеров нашли применение различные микросателлитные ДНК. Их число у различных видов достигает сотен. Интерес к использованию сателлитной ДНК для маркирования хромосом связан с тем, что ее выделение и идентификация более просты в сравнении с выделением и идентификацией ДНК структурных генов, при этом для отдельных классов сателлитов характерны как их хромосомная специфичность, так и специфичность локализации на хромосоме. В силу высокого полиморфизма они могут быть использованы наряду с группами крови в системах идентификации происхождения животных. (Маринченко Т.Е., Королькова А.П., Горячева А.В.; 2019).

Для ее проведения используются три перспективных, для практической селекции, подхода: *GAS*-селекция, *MAS*-селекция, *GS*-селекция. Когда в качестве маркеров используют *SNP* (*Single Nucleotide Polymorphism*), селекция носит название *GS* (genomic selection).

В рамках *GS*-селекции определяют генотип, считая, что каждый маркер - это *QTL* (*quantitative trait loci*) и вычисляют влияние всех маркеров одновременно по их вкладу в генетическую вариансу. Широко используемая технология анализа микро- и мини-сателлитов ДНК, позволяет получить данные о генетическом расстоянии между отдельными популяциями крупного рогатого скота, уровне гетерозиготности, определять достоверность происхождения на

100 % уровне и регистрировать истинную кровность характеристики генетического материала того или иного предка. Подтверждение достоверности происхождения с использованием *SNP*-маркеров (*single nucleotide polymorphisms*) и с применением ДНК платформы, позволяет найти несколько сотен локусов. Однако результаты таких исследований в литературе представлено мало.

В США и в ряде других стран, установили стандартные системы для ДНК-профилирования последовательностей повторов, тем самым скомбинирован с получением единой системы индексации ДНК (CODIS), которая служит в качестве лабораторного стандарта для ДНК-профилирования (Стефенс К.М. и др., 2019; Николаев С.В., 2020).

В настоящее время создание собственных наборов *SNP* (*Single Nucleotide Polymorphism*), основанных и установленных для отечественной популяции соотношений между фенотипами и генотипом, позволят повысить точность прогнозов по признакам (Федоренко В.Ф. и др., 2018).

Высокая достоверность и специфичность ДНК анализа может быть достигнута при использовании любых видов биологического материала: кровь, слюна, волосы, сперма, образцы мягких тканей. Для анализа микросателлитов требуется очень малое количество крови и какой-либо ткани организма, поэтому возможно прижизненное взятие образцов. Микросателлиты одинаковы у близких видов. Что позволяет использовать одни и те же праймеры и сходные протоколы анализа.

В настоящее время микросателлитные ДНК-маркерные системы находят применение при решении различных фундаментальных и прикладных задач сельскохозяйственной биологии и биотехнологии таких, как геномное картирование, характеристика генетической структуры популяции и степени инбредности, оценка генетических расстояний между линиями, популяциями, филогенетические исследования, контроль происхождения (Эрнст Л.К., Зиновьева Н.А.; 2008; Guichoux E. и др., 2011).

Таким образом, технология ДНК-анализа микросателлитов становится незаменимым инструментом для решения задач селекции и целенаправленного повышения продуктивных качеств, выращиваемых животных и является «золотым» стандартом современной молекулярно-генетической идентификации животных, рекомендованным Международным обществом по изучению генетики животных (ISAG).

Первым шагом геномной селекции является установление взаимосвязей между отдельными *SNP* (однонуклеотидными заменами), генотипом и фенотипом. Для этого создается референтная популяция животных (и коров и быков). Далее на основании данных референтной популяции рассчитывается относительная племенная ценность по конкретным признакам для любого животного. Теоретически эта методика позволяет среди большого количества молодых животных отобрать лучших и оставить их для получения следующей генерации племенного скота. Точность такого прогноза составляет по большинству признаков 65-67 % (Helyar S.J. и др., 2011, Chen Zh, и др. 2013; Федоренко В.Ф. и др. 2018).

Широко используемая технология анализа микро- и мини-сателлитов ДНК, позволяет получить данные о генетическом расстоянии между отдельными популяциями крупного рогатого скота, уровне гетерозиготности, определять достоверность происхождения на уровне 100 % надежности и регистрировать истинную кровность (или уровень инбридинга) не по теоретическим расчетам, используя данные о происхождении, а по содержанию генетического материала того или иного предка. Использование ДНК-технологий позволяет значительно повысить эффективность селекционно-племенной работы по генетически обусловленным качественным характеристикам молока для производства специализированных видов продукции, сокращая расходы и время для достижения целей. Выявление предпочтительных вариантов генов позволяет проводить селекцию по генотипу.

Применяемым сегодня способом диагностики гаплотипов фертильности *HH1, HH2, HH3, HH4, HH5* является использование кастомных (смоделированных пользователем) биочипов, используемых для полногеномного сканирования *SNP*. Проведение ДНК-диагностики данным способом требует наличия дорогостоящего оборудования и, кроме того, сопряжено с высокой стоимостью биочипов. Если для проведения комплексной ДНК-диагностики (геномная оценка + исследование на наличие нескольких генетических аномалий) такой способ является экономически оправданным, то для массового скрининга гаплотипов в популяциях крупного рогатого скота необходима разработка простых, относительно дешевых тест-систем, не требующих использования дорогостоящего оборудования. Их применение позволит определять статус животных на носительство наследственных аномалий, дать характеристику их распространения в российских популяциях голштинского и голштинизированного скота и разработать программы, направленные на элиминацию генетических дефектов в популяциях племенных животных. (Романенкова О.С., 2016).

С расшифровкой последовательности полного генома крупного рогатого скота стало возможным прослеживать историю происхождения пород и оценивать генетические связи между современными породами, основываясь на результатах полногеномного скрининга *SNP*-маркеров.

Были проведены исследования коммерческих и локальных пород в Европе, Северной Америке, Азии и Африке на полногеномном уровне. Однако генетические различия, связи и популяционно-генетическая структура российских пород скота остаются малоизученными. Исследование генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород скота на основании полногеномного полиморфизма единичных нуклеотидов (*SNP*), полученного с использованием Illumina Bovine SNP50 BeadChip («Illumina Inc.», США) являются наиболее перспективными (Зиновьева Н.А. и др.; 2016).

1.3 Полиморфизм сочетания аллелей в генах и их взаимосвязь с продуктивностью

Генетический полиморфизм – это состояние, при котором наблюдается длительное разнообразие генов, но при этом частота наиболее редко встречающегося гена в популяции больше одного процента. Поддержание его происходит за счет постоянной мутации генов, а также их постоянной рекомбинации. Согласно исследованиям, которые провели ученые, генетический полиморфизм получил широкое распространение, так как комбинаций гена может быть несколько миллионов (Сатыгул С.Ш. и др., 2009; Hirano T. и др., 2012; Zhang Y. [et al.], 2015, Лихоман А.В. и др., 2016, Ескин Г. В. И др., 2018; Тузов И.Н., Тузова С.А.; 2019).

Исследование полиморфизма, частот распространения отдельных вариантов белков, их сочетаемости в генотипах, в популяциях, влияния разных условий среды содержания животных на разные генотипы по полиморфным белкам, открывает новые перспективы в области понимания целого ряда теоретических и практических проблем генетики сельскохозяйственных животных, и роли экологических условий в формировании генофонда видов. (Kataria R.S. и др., 2011; Кадиев А.К., 2013; Garkovenko A.V. и др., 2018).

В настоящее время в селекционной работе с высокопродуктивным молочным скотом главное внимание уделяется признакам продуктивности, тогда как вопросы сопротивляемости организма неблагоприятным факторам внешней среды и их влияние на продуктивность остаются малоизученными (Н. А. Зиновьева и др., 2016; Иванова И.П., Троценко И.В.; 2021).

Частым явлением в высокопродуктивных стадах стало увеличение сервис-периода за счет ранней эмбриональной смертности. Одной из причин этого являются генетические нарушения. У разных пород крупного рогатого скота обнаружены мутации и гаплотипы, связанные с гибелью эмбриона. Сбои эмбрионального развития могут возникать на любом сроке гестации, в зависимости от конкретной мутации. Для уменьшения риска рождения потомства с

генетическими заболеваниями, а также снижения эмбриональной смертности необходимо контролировать наличие быков - носителей в популяции (Ескин Г.В., Турбина И.С., Гуськова С.В.; 2018; Шевцова А.А. и др., 2018; Романенкова, О.С. и др., 2021).

Низкие показатели продолжительности жизни и пожизненной плодовитости голштинской породы не позволяют вести расширенное воспроизводство стада за счет собственного ремонта и массовый отбор по матерям, поскольку для ремонта стада в племенное ядро необходимо выделить все наличное маточное поголовье. Фактическая работа по выявлению носителей мутаций и их удалению из популяции проводится только в отношении быков-производителей на отечественных предприятиях по искусственному осеменению, исключительно силами самих станций (Перчун А.В. и др., 2014; Федоренко В.Ф. и др., 2018).

В настоящее время рост генетического потенциала поголовья крупного рогатого скота, в большинстве хозяйств России, обеспечивается путем разработки индивидуальных планов подборки пар быков к маточному поголовью (Сакса И., 2018).

По данным ленинградских ученых, при совершенствовании стад с удоем 8000-12000 кг молока в год на 1 корову, наилучшие результаты, получены от производителей, имеющих высокую геномную оценку.

В исследовании маточного поголовья голштинской породы в Белгородской области установлено, что молоко коров генотипов *BB* и *AB* по *к*-казеину имело лучшие показатели сыропригодности в сравнении с молоком от гомозиготных носительниц *A*-аллеля *к*-казеина: выход сырного зерна был выше на 13-17 %. В популяции высокопродуктивного поголовья установлена низкая (8,5 %) доля животных гомозиготных по аллелю *B* гена *к*-казеина при высокой доле гетерозигот (44,7 %) и гомозигот *AA* (46,9 %) (Эрнст Л.К. и др., 2008; Юдин Н.С. и др., 2018).

Дефицит отечественных быков голштинской породы по желательным генотипам на сегодняшний день может быть компенсирован импортом спермы быков из стран, в которых селекция проводится не только по *β*- и *к*-казеинам, но и в целом по сыропригодности. Высокая доля (38,8 %) гомозиготных коров по аллелю A_2 при наличии значительного по численности поголовья позволяет сформировать из них специализированное стадо для производства «гипоаллергенного» молока. Значительная доля гетерозиготных генотипов по *к*- казеину дает возможность создавать группы коров с аллелем *B* гена *к*- казеина по результатам генотипирования и получать «улучшенное» молоко для сыроделия (Погребняк В.А., Колбас А.В., Морковкина Н.А.; 2019).

Мониторинг по генам молочных белков в селекционной группе голштинизированной холмогорской породы скота архангельской популяции показал изменения генетической структуры по пяти генам молочных белков и гормонов (*CSN3, LGB, PRL, GH, LEP*), и лептина (*SNP: R25C, Y7F, A80V*) напрямую связанных с показателями молочной продуктивности. Отмечается, что выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов вышеуказанных генов, дополнительно к традиционному отбору животных, может быть направлено на разработку новой системы отбора и подбора животных на генетическом уровне, с планированием получения через заказное спаривание быков следующей генерации с заданными генотипами. (Кононова Л.В., Шарко Г.Н., Мачульская Е.В.; 2018; Загидуллин Л.Р., Ахметов Т.М. и др. 2020).

Генетические маркеры, характеризующие генотип животного на высокую продуктивность в одних условиях, могут не соответствовать маркерам, работающим в других. В настоящий момент точность прогноза племенной ценности по большинству признаков составляет 72 %. Это значит, что дочери конкретного быка превзойдут дочерей других быков с вероятностью 72 %. Кроме того, существует определенный риск отбраковки быков с выдающимися генетическими характеристиками как «неперспективных». Подобные случаи не

редки в мировой практике (Маринченко Т.Е., Королькова А.П., Горячева А.В.; 2019).

Оценка данных литературы по проблеме лейкоза крупного рогатого скота, с позиции специалистов по трансграничным вирусным инфекциям и генетического полиморфизма, свидетельствует о существовании четкой взаимосвязи проявления вируса и генофонда скота (Мищенко В.А., Петрова О.Н., Караулов А.К., Мищенко А.В.; 2018).

Полученные данные позволяют осуществлять тонкий анализ потенциала животного. и открывают возможность дальнейшего генетического совершенствования породы в направлении повышения продуктивности (Амерханов Х.А. и др. 2017).

Таким образом, ДНК-диагностика по определению полиморфизма генов дает возможность корректировать изменение частот встречаемости тех или иных аллелей и генотипов в популяции путём определенного отбора и подбора пар для селекционного процесса. (Кононова Л.В., Шарко Г.Н., Мачульская Е.В.; 2018). Поиск методов повышения продуктивности в настоящее носит первостепенное значение для разведения и селекции крупного рогатого скота. Отбор животных в возрасте до двух лет, с целью улучшения качества продуктивности, является актуальным и требует изучения (Лысенко Н.Г., и др.; 2016; Шарко И.Н., Абрамова О.И., Силкина С.Ф.; 2018; Романенкова О.С., Волкова В.В., Зимина А.А.; 2021).

2. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Научно-исследовательская работа велась в 2015–2020 гг. на кафедре биотехнологии, биохимии и биофизики ФГБОУ ВО Кубанского государственного аграрного университета, в племзаводе АО «Рассвет» Усть-Лабинского района Краснодарского края и учхозе «Краснодарское» г. Краснодар. Молекулярно-генетические исследования проводили совместно с научными сотрудниками: лаборатории белков гормональной регуляции ФГБУН «Институт биоорганической химии имени М. М. Шемякина и Ю. А. Овчинникова РАН» (г. Москва) и лаборатории «Молекулярно-генетических исследований в АПК» Кубанского госагроуниверситета.

На базе высокопродуктивного поголовья голштинской породы «Рассвет» Усть-Лабинского района Краснодарского края (от одной коровы голштинской породы за производственный год средний удой составлял более 8,0 тыс. кг молока) провели ранжирование быков, участвующих формировании будущей генерации по происхождению.

Изучение генотипа быков-производителей голштинской породы проводили на конкретном материале и анализе имеющихся данных: о происхождении по документам 1 МОЛ и сертификатам, выданным Ассоциацией голштинского скота «DNA Genotype certificate», «Official Holstein Pedigree», а так же данным сайта Dayry bulls. com - Sire Genetic Evalutions/ August 2019, материалам представленным на сайтах поставщиков спермы быков-производителей: «Альта Дженетикс Раша» (г. Москва) и «Молочная Компания Генетика» (г. Н. Новгород), российской электронной базе данных быков голштинской породы (ВНИИ племенного дела, Московская область). Так же в работе использовали базу информационно-аналитической системы «Селэкс. Молочный скот»; формы зоотехнического (1 МОЛ и 2 МОЛ), племенные свидетельства быков-производителей, участвующих в искусственном осеменении.

Схема исследований представлена на рисунке 1.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ STR-МАРКЕРОВ И SNP-ЧИПА ДЛЯ ФОРМИРОВАНИЯ ВЫСОКОПРОДУКТИВНОГО ПОГОЛОВЬЯ МОЛОЧНОГО СКОТА

Изучаемые показатели

Быки-производители:
– родословная,
– коэффициент РИБ,
– гены-маркеры происхождения (*STR*-метод),
– полиморфизм изученных маркеров

Коровы:
– родословная, продуктивность, воспроизводительные качества,
– генетический потенциал по: удою, содержанию жира и белка в молоке,
– достоверность происхождения (*STR*-метод), полиморфизм маркеров

Высокопродуктивный молодняк:
формирование I и II групп по родительскому индексу телок (РИТ)

I группа	II группа
РИТ =8,6 - 11,2 тыс. кг молока	РИТ=свыше 11,3 тыс. кг молока

Исследование генотипа молодняка *SNP*- чипом
«TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel»
Расчет уровня гетерозиготности по генетическим маркерам:
– достоверности происхождения,
– продуктивности и генетических аномалий (*_SNPchr8_108833985, DGAT1_SNPchr14_1802265, MSTN_SNPchr2_6215942, APAF1_SNPchr5_63150400, MITF_SNPchr22_31769189, SMC2_SNPchr8_95410507 и др.);*
Изучение структуры ген-маркеров и их сочетаний
– с живой массой телок (маркеры *DGAT1* и *MSTN*)
– развитием волосяного покрова (ген-маркер *MIFT*)

Эффективность применения *STR*-методов и *SNP*-чипа

Рисунок 1 – Общая схема исследований

Оценку ДНК быков-производителей произвели по микросателлитным *STR*-маркерам (*short tandem repeats*): *BM1824, BM2113, BM1818, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, ILSTS006, SPS115, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53,* провели по представленным в племенных сертификатах на быков-производителей.

В качестве стандартных маркеров достоверности происхождения животного мы использовали рекомендации ISAG (Международного общества по изучению генетики животных).

В набор фирмы «Гордиз» для определения молекулярно-генетической характеристики крупного рогатого скота с целью анализа родства и ДНК-индивидуализации животных на основе мультиплексного ПЦР-анализа локусов, содержащих STR, включено три дополнительных полиморфных микросателлитных локуса: *CSSM66, ILSTS006 и CSRM60* (табл. 1).

Таблица 1 – Описание микросателлитных маркеров

Название локуса	Хромосомная локализация	Нуклеотидная последовательность единицы повтора
Основные		
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*	$(AC)_n$
Дополнительные		
CSSM66	*D14S31*	$(AC)_n$
ILSTS006	*D7S8*	$(GT)_n$
CSRM60	*D10S5*	$(AC)_n$

Для молекулярно-генетической идентификации животных на основе микросателлитных маркеров ДНК нами были использована схема работы, рекомендованная известным российским производителем продукции для молекулярной идентификации – фирмой «Гордиз».

В практической части настоящей работы использовались готовые отечественные решения для всех этапов генетического анализа:

1. Выделение ДНК. Наборы для экстракции ДНК сорбентным методом. Экстракция ДНК из биологического объекта (кровь).

2. Метод экспресс-пробоподготовки. Реагенты для ПЦР-совместимого лизиса биоматериала. Быстрая пробоподготовка при работе с типовыми объектами (кровь, эпителий, слюна). Препарат для амплификации за 15 мин.

3. Типирование микросателлитных маркеров. Наборы COrDIS для мультиплексной амплификации микросателлитных маркеров ДНК коров методом капиллярного электрофореза.

4. Анализ данных. Программное обеспечение для анализа результатов исследования.

Анализ проводили с применением метода полимеразной цепной реакции – ПЦР. Разработка дизайна праймеров осуществлялась на основе изучения литературных источников с учетом характеристик используемого оборудования и реактивов. В большинстве случаев мы применяли метод *RFLP* (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), т.е. ПЦР-анализ с последующим рестрикционным гидролизом образующихся фрагментов специфичными эндонуклеазами рестрикции и анализом размеров образующихся фрагментов (рестриктов) путем гель-электрофореза (ДНК-электрофореза). Синтез разработанных праймеров осуществлялся ЗАО «Евроген» (Москва, Россия). Индивидуальные методики определения аллельных вариантов, условия проведения ПЦР и примеры регистрации результатов анализа аналогичны подходам, указанным ниже.

Забор осуществлялся 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 (плюс 4 °С), не допуская замораживания.

Полученные образцы крови частично (от 150 до 200 мкл) переносились на стерильную хлопковую марлю в условиях, исключающих перекрёстную контаминацию. Высушивались в стерильном шкафу под ламинарным потоком воздуха и упаковывались в индивидуальные бумажные пакеты.

ДНК выделялась из биологического материала при помощи специального набора реагентов на колонках «К-СОРБ-100» («Синтол», Россия). В состав

набора входят следующие компоненты: протеиназа К (10 мг/мл; 1 мл), лизирующий раствор (21 мл), осаждающий раствор (21 мл), промывочный раствор № 1 (42 мл), промывочный раствор № 2 (61 мл), элюирующий раствор (21 мл) и колонки для сорбции и очистки ДНК (50 шт.). Протокол выделения геномной ДНК состоял из трех этапов (лизис, осаждение ДНК, промывка и элюция ДНК) и применялся ко всем используемым в данной работе образцам крови:

1. Лизис.

1.1. В пробирки объемом 1,5 мл вносили последовательно 10 мкл протеиназы К, 200 мкл исследуемого материала, 200 мкл лизирующего раствора. Тщательно перемешивали с помощью вортекса.

1.2. Смесь инкубировали при температуре 65 °С в течение 15 мин, периодически перемешивая содержимое (в случае выделения ДНК из старых или содержащих сгустки образцов цельной крови, рекомендуется увеличить время лизиса до 30 мин).

2. Осаждение ДНК.

2.1. Капли с крышек сбрасывали краткосрочным центрифугированием. Добавляли 200 мкл осаждающего раствора. Перемешивали содержимое пробирок с помощью вортекса.

2.2. Капли с крышки сбрасывали кратковременным центрифугированием. Переносили весь объем на колонку.

2.3. Центрифугировали при 8000 об/мин в течение 1 мин. Удаляли жидкость из коллектора колонки, используя вакуумный насос или микропипетку. Для этого аккуратно извлекали колонку из коллектора и, удерживая ее в одной руке, отсасывали жидкость из коллектора, затем возвращали колонку в коллектор.

3. Промывка и элюция ДНК.

3.1. Наносили на колонку 400 мкл промывочного раствора № 1. Центрифу-гировали при 8000 об/мин в течение 1 мин. Удаляли жидкость из коллектора колонки, используя для этого вакуумный насос или микропипетку.

3.2. Наносили на колонку 400 мкл промывочного раствора № 2. Центрифугировали при 8 000 об/мин в течение 1 мин.

3.3. Наносили на колонку 200 мкл промывочного раствора № 2. Центрифу-гировали при 13000 об/мин в течение 2 мин. Осторожно переносили колонки в чистые пробирки объемом 1,5 мл.

3.4. В зависимости от ожидаемого выхода ДНК, добавляли 50–200 мкл элюирующего раствора, предварительно прогретого до температуры 70 ºС. Инкубировали 8000 об/мин в течение 1 мин. Полученный раствор ДНК хранили при минус 20°С. (Допустимо кратковременное хранение раствора ДНК при плюс 4°С). Рабочий лабораторный протокол содержал 20 последовательных шагов и составлял следующую последовательность действий:

1. Перед началом работы сделать аликвоту элюирующего буфера требуемого объема (от 50 до 120 мкл на образец).

2. Внести во все пробирки для исследуемых образцов и тщательно перемешать:

- 400–500 мкл физиологического раствора;
- 200 мкл лизирующего буфера (раствор № 2);
- 10 мкл протеиназы К (хранение при минус 20 °С); - 10 мкл 1 М раствора DTT.

3. Приготовить и внести в пробирки образцы, которые готовятся путем иссечения фрагмента марли с предварительно нанесенной на нее и высушенной кровью, площадь от 0,3 до 1 см2.

4. Тщательно перемешать содержимое пробирок.

5. Термостатировать пробирки при 65 °С в течение 1–2 ч.

6. По окончании термостатирования извлечь пробирки с образцами из термостата, который необходимо перевести на 70 °С, поставить в него пробирки с аликвотами элюирующего буфера (до окончания выделения).

7. Выполнить краткосрочное центрифугирование пробирки с образцами для удаления испарений и капель со дна крышки и стенок, минимальная

длительность центрифугирования при максимальном числе оборотов в минуту.

8. В каждую пробирку внести по 200 мкл осаждающего раствора. Тщательно перемешать. Выполнить краткосрочное центрифугирование.

9. Жидкость из пробирок перенести в колонки К-сорб. Центрифугировать колонки 1 мин при 8.000 rpm. По окончании центрифугирования проконтролировать полное прохождение элюента через колонку. В случае неполного прохождения увеличить время центрифугирования и/или число оборотов.

10. Элюат удалить из пробирок-коллекторов в контейнер для жидких медицинских отходов. Колонки вернуть в пробирки-коллекторы.

11. Внести в колонки по 400 мкл промывочного раствора № 1. Центрифугировать 1 мин при 8.000 rpm, удалить элюат, колонки вернуть в пробиркиколлекторы.

12. Внести в колонки по 400 мкл промывочного раствора № 2. Центрифугировать 1 мин при 8.000 rpm, удалить элюат, колонки вернуть в пробиркиколлекторы.

13. Внести в колонки по 200 мкл промывочного раствора № 2. Центрифугировать 2 мин при 13.000 rpm (или при максимальном числе оборотов центрифуги).

14. Перенести колонки в чистые пробирки. Центрифугировать 3 мин при 13.000 rpm (или при максимальном числе оборотов центрифуги).

15. Перенести колонки в чистые пробирки.

16. Внести в каждую колонку, требуемую аликвоту элюирующего буфера, прогретого до 70°С. Пробирки брать из термостата по мере расходования предыдущих.

17. Инкубировать колонки под элюирующим буфером 3–5 мин при комнатной температуре в горизонтальном положении.

18. Центрифугировать 1 мин при 8.000 rpm.

19. По окончании центрифугирования проконтролировать полноту прохождения элюирующего буфера во всех пробирках. Колонки поместить в пакет для твердых медицинских отходов. Пробирки маркировать с указанием данных образца и даты выделения.

20. Полученные образцы ДНК хранить при 4–8°С (до одной недели). При более длительном сроке – перенести в камеру, обеспечивающую минус 20°С.

Выделенная таким образом ДНК использовалась в работе с применением набора COrDIS Cattle («Гордиз», Россия).

Праймеры для ПЦР подобраны фирмой-производителем с учетом проведения амплификации всех 14-ти локусов в одной пробирке. Размер всех амплифицируемых ПЦР продуктов до 320 пар нуклеотидов (с учетом всех известных аллелей).

Анализ результатов ПЦР проводился методом капиллярного электрофореза с использованием автоматических генетических анализаторов с лазериндуциро-ванной флуоресцентной детекцией. В наборе COrDIS Cattle используется пять флуоресцентных красителей, характеризующихся разными длинами волн эмиссии для возможности одновременной детекции в разных каналах флуоресценции. Праймеры мечены четырьмя флуоресцентными красителями, детектируемыми в каналах Blue, Green, Yellow, Red. Стандарт длины S450 мечен пятым, флуоресцентным красителем и детектируется в отдельном канале Orange одновременно с продуктами ПЦР. С использованием этих реагентов для получения полного STR-профиля образца достаточно 0,2 нанограмм недеградиронной ДНК. Оптимальное количество – 0,5 нанограмм.

Реакционная смесь в наборе аликвотирована в реакционных стрипованных пробирках 0,2 мл и поставляется в лиофилизированном виде, благодаря чему реакционные смеси могут храниться при комнатной температуре не менее 18 мес без потери чувствительности. Компоненты реакции активируются добавлением определенного объема раствора активатора в каждую пробирку.

Общий объем реакции 20 мкл. Максимальный объем вносимого в реакцию раствора ДНК может составлять 16 мкл. Благодаря высокой устойчивости реакционной смеси к действию ингибиторов большой объем препарата ДНК не препятствует успешной амплификации.

Результаты проведенного капиллярного фореза с указанием индивидуальных пиков, соответствующих конкретным аллелям по каждому исследованному животному. Материалом для проведения ПЦР-анализа во всех случаях служила общая геномная ДНК, выделенная из собранных образцов крови животных, Те же образцы, выделенной ДНК, использовались для анализа микросателлитных локусов.

Исходя из рекомендаций Международного общества по изучению генетики животных (ISAG), по каждому животному определены важные индивидуальные *SNP*-варианты (*single nucleotide polymorphism* – однонуклеотидные полиморфизмы).

Методика определения последовательности участков генов, содержащих однонуклеотидные полиморфизмы (*SNP*) включала несколько основных этапов:

– подготовка библиотек генов, содержащих копии коротких участков ДНК;

– гибридизация с последующей амплификацией;

– секвенирование.

Генотипирование *SNP* вариантов проводили с использованием ДНК-платформы (биочип) «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel» («Illumina Inc.», США), отличающегося высокой точностью генотипирования и отвечающего стандартам (ISAG) (табл. 2).

Таблица 2 – Описание панели «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 Субфертильность 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*	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 срок 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:

$$\text{РИБ} = \frac{2M+MO}{3} \quad (1),$$

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.

$$РИТ = \frac{\text{M+Mo}}{2} \quad (3),$$

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).

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

Авторы расчета индекса отмечаю. что 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, Р1 – удой за 1–100-й день, кг молока, Р2 – 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.

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

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 ИССЛЕДОВАНИЙ

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

Современная селекция крупного рогатого скота требует анализа существующего генофонда и внедрения интенсивных направлений (Камакин В.В. и др., 2015). В своей работе J. E. Decker (2016) отмечает, что интенсивные методы воспроизводства и торговля племенным материалом привели к глобальному распространению голштинской породы.

В создании высокоценного потомства, превосходящих по своим качествам основные показатели породы, влияние со стороны матери и отца одинаково (Donnik I.M. и др., 2015; Дунин И.М., Амерханов Х.А.; 2016).

В настоящее время рост генетического потенциала поголовья крупного рогатого скота, в большинстве хозяйств России, обеспечивается за счет использования спермы импортных быков, путем разработки индивидуальных планов подборки пар к маточному поголовью (Воробьева Н.В. и др. 2016). Однако их генофонд, по данным ВНИИ племенного дела, основан на 3-5 родоначальниках линий (Коханов М.А., Коханов А.П.; 2014; Кудинов А.А. и др., 2016; Иванова И.П., 2018).

По данным ученых, при совершенствовании стад с удоем 8000-12000 кг молока в год на 1 корову, наилучшие результаты, получены от производителей, имеющих высокую геномную оценку (Нартикоева Л.Г., Кочисов С.А., 2017; Щербакова Н.А. и др., 2020; Племяшов К.В. и др., 2021).

На первом этапе нашей работы воспользовались рекомендациями ВНИИ племенного дела. У всех быков, используемых в опытах, изучили племенные сертификаты, формы 1МОЛ. По результатам работы определили генеалогическую принадлежность производителей, составили их родословные (рис. 2 и 3).

<table>
<tr><td rowspan="2">Ha-Ho Cubby
Manfred-ET
USA 2183007</td><td rowspan="2">J-BEE Manfred
Justice-ET
USA 122358313</td><td>Flevo Genetics
Snowman-ET
NLD 388965513</td><td>S-S-I Snowman
Mayflower-ET
8400003008897582</td><td colspan="3">Peak AltaHosmer-ET 840003131663997 (100% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB Бета казеин A1A2</td></tr>
<tr><td>Long-Langs
Oman Oman-ET
USA 135746776</td><td>Amighetti
Numero Uno-ET
ITA 17990915143</td><td>De-SU
Nominee-ET
USA70626023</td><td colspan="2">No-Fla AltaJonah
USA 73752888 (99% RHA-I) Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB | Бета казеин A2A2</td></tr>
<tr><td rowspan="3">Rose-Baum
Taboo-ET
USA
17121203</td><td rowspan="3">Ensenda Taboo
Planet-ET
USA 60597003</td><td rowspan="3">De-Su 521
Bookem-ET
USA 66636657</td><td>DE-SU 11236
Balisto-ET
USA 70625988</td><td colspan="3">Peak AltaTwix-ET 840003126779950 (99% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F
Genetic Codes: TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB | Бета казеин A2A2</td></tr>
<tr><td rowspan="2">DE-SU BKM
Mccutchen 1174ET
USA 6990138</td><td colspan="2">View-Home Monterey-ET
USA 69087180</td><td>Rockymountain AltaUndado-ET
CAN 114460030 (99% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AE | Бета казеин A1A2</td></tr>
<tr><td colspan="3">CJ-OP Renegade-ET HO 840M003011816312
Genetic Codes: TC,TD,TL,TP,TR,TV,TY Бета-казеин: A1A2 / Каппа-казеин: AE</td></tr>
<tr><td rowspan="5">Blackstar
Emory-ET
USA 2114601</td><td rowspan="5">Fustead Emory
Blitz-ET
USA 17013604</td><td rowspan="5">Velvet-View-Kj
Socrates-ET
USA 133126053</td><td rowspan="5">Roylane Socra
Robust-ET
USA 64966739</td><td colspan="3">Bomaz AltaBettman-ET USAM000071074447 (99% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F
Genetic Codes: TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB / Бета казеин A2A2</td></tr>
<tr><td colspan="3">Bush-Bros AltaBgood USM000070396874 (98% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F
Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB / Бета казеин A1A2</td></tr>
<tr><td>Segul-Bay
Supersire-ET
USA
69981349</td><td>U.S.Josuper-
ET
USA
70726929</td><td>Peak AltaDoozer-ET 840003132426492
26929 (99% RHA-I)
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY Каппа казеин AB Бета казеин A2A2</td></tr>
<tr><td colspan="3">Co-OP Robust Cabriolet-ET USA 69560690
Гаплотип: HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F Genetic Codes: TC TD TL TP TV TY| Бета казеин A1A2</td></tr>
<tr><td>Sandy-Valley Sterling-ET
USAM000069701759</td><td>S-S-I S.Damaris-
ET 8403011538150</td><td>Co-Jp RB D. Terrain-ET
840003128792977</td></tr>
</table>

Рисунок 2 – Генеалогическая схема быков в линии Р. Соверинг 198998 (по происхождению), n=10

<table>
<tr><td rowspan="3">Sandy-Valley Bolton-ET USA 131823833</td><td rowspan="3">Coyne-Farms Dorcy-ET USA139005002</td><td rowspan="3">Mountfield SSI DCY Mogul-ET 840003006972816</td><td rowspan="2">Bacon-Hill Montross-ET USA71703339</td><td>Progenesis AltaHidalgo-ET CAN12278121
Гаплотип HH1F HH2F HH3F HH4F HH5F HCDF HH6F
Genetic Codes: TC TD TL TP TR TV TY
Каппа казеин AE / Бета казеин A1A2</td></tr>
<tr><td>Syryczuk Mntrs Brimstone-ET 840M003128463284</td></tr>
<tr><td colspan="2">CO-OP Mogul Lawman-ET USA71451889</td></tr>
</table>

<table>
<tr><td>Carol P. Mtoto-ET ITAM006001000 1962</td><td>Picston Shottle-ET GBRM000000598 172</td><td>MR Welcome Hill Tango-ET USAM000070750485</td><td>Rivier-Bridge CO-OP TeslaET USA71753198</td><td>Co-OP Tesla Lovett-ET 840003128824422
Genetic Codes: TD,*TM,TC,TD,TL,TP,TR,TV,TY
Бета-казеин: A1A2 / Каппа-казеин: BB</td></tr>
</table>

Рисунок 3 – Генеалогическая схема быков в линии В. Б. Айдиала 1013415 (по происхождению), n=5

Нами установлено, что изучаемая популяция быков-производителей, сформирована за счет быков, продолжателей из Америки (в племенном свидетельстве обозначено – USA), Италии (IT), Канады (CA).

В общей структуре поголовья наибольший объем занимают быки, принадлежащие к родословной Р. Соверинг 198998 – 10 гол (75 %). Массив данной группы сформирован на базе наиболее известных родоначальников ветвей: B. Emory 2114601 – 5 потомков (50 %), H.-H. C. Manfred 2183007 – 2 потомка (20 %); R-B. Tabo 17121203 – 3 потомка (30 %).

К родословной В.Б. Айдиала 1013415 отнесено 5 голов (30 % общей численнсти), происходящие от родоначальников ветвей: S. Bolton 13182833 и C. Mtoto 60010001962. Все быки получены методом трансплантации, за исключением B.-B. AltaBgood 70396874 и N.-F. AltaJonah 73752888.

В соответствии с международными нормами и требованиями по сертификации племенных животных необходимо обязательное проведение генетической экспертизы происхождения поголовья. Происхождение животных голштинской породы, в зарубежных странах, записывается в ДНК сертификаты с указанием *STR*-аллелей.

В соответствии с этим мы изучили сертификаты «DNA Genotype certificate», представленные ассоциацией голштинского скота Америки на быков опытных групп.

Изучение представленных *STR*-маркеров, в сертификатах быков позволило нам установить генетическое разнообразие в разрезе родословных.

В связи с тем, что наблюдаемая гетерозиготность (*Ho*) рассматривается как среднее количество локусов с двумя различными аллелями в одном локусе у одной особи, то для описания генетического разнообразия популяции, менее зависимого от величины выборки, нами рассчитана и ожидаемая гетерозиготность (*He*) (табл. 4).

Таблица 4 – Гетерозиготность локусов в генотипах быков-производителей

Показатель	Родословная					
	В.Б. Айдиала 1013415, n=5			Р. Соверинг 198998, n=10		
	*Ho**	*He***	F_{is}***	Но	Не	F_{is}
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
CYP21	0	0	-	0,80	0,36	-1,222
ETH225	0	0	-	0,60	0,64	0,063
ETH3	0,5	0,75	0,333	0,40	0,84	0,524
INRA023	0	0	-	0,80	0,36	-1,222
RM067	0	0	-	0,70	0,51	-0,373
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
TGLA122	0,80	0,36	-0,714	0,80	0,36	-1,222
MGTG4B	0,9	0,19	0,733	0,90	0,19	-3,737
SPS113	0,80	0,36	0,333	0,80	0,36	-1,222

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

Представленные данные свидетельствуют о том что в среднем по всей популяции показатель наблюдаемой гетерозиготности меньше чем ожидаемой (*Ho* < *He*) на 25 %.

Расчет коэффициента инбридинга F_{is}, в родословной В.Б. Айдиала 1013415, показал на дефицит гетерозиготных особей по 46 % локусов: *BM1824, ETH3, SPS115, TGLA126, MGTG4B, SPS113* (F_{is} от –0,333 до –0,733).

В родословной Р. Соверинг 198998 дефицит гетерозигот наблюдали в 57 % локусов: *CYP21, INRA023, RM067, TGLA126, TGLA122, SPS113 (Fis* до-1,22 ед.).

В родословной Р. Соверинг 198998 установили значительный дефицит гетерозигот (локусы *MGTG4B* и *SPS115) (Fis* до –3,737).

Кроме вышеприведенных данных в нашу задачу входило определить полиморфизм для каждого локуса и возможность их использования в качестве маркеров.

Это исследование позволило провести распределение микросателлитных локусов (табл. 5).

Таблица 5 – Информационный полиморфизм локусов быков, n=15

Показатель	Полиморфизм размеров фрагментов аллелей*	*PIC* оптим.	*EMR*	*MI*
полиморфные				
BM1824	178, 180, 182, 188	0,18	4,57	3,08
ETH225	148, 150, 189, 200	-	7,14	3,49
BM1818	262, 264, 266	0,48	2,57	2,01
SPS115	248, 252, 260	-	8,64	3,07
INRA023	202, 206, 214	-	10,29	2,73
TGLA53	158, 168, 186	-	12,07	1,66
TGLA122	149, 151, 163	-	8,64	3,31
SPS113	143, 147, 155	-	7,14	3,49
MGTG4B	135, 141, 145	-	7,14	3,49
BM2113	127, 135, 139	-	5,79	3,39
ETH3	117, 125, 129	0,48	2,57	2,09
RM067	90, 92, 96	-	8,64	3,31
низкоморфные				
CYP21	189, 200	-	10,29	2,73
TGLA126	117, 123	0,18	4,57	3,08

* диапазон длин аллелей, прошедших контроль и используемых для анализа, *PIC* (polymorphism information content) - величина информационного полиморфизма, *EMR* (effective multiplex ratio) - эффективное мультиплексное отношение, *MI* (marker index) - маркерный индекс.

Нами установлено, что к полиморфным можно отнести 12 локусов (86 % от общей численности). К низко морфным 14 % (*CYP21, TGLA126)*. Наиболее полиморфные: *BM1824, ETH225.* В общем объеме выборки оптимальное значение *PIC* встречается у 25 % локусов. Положительная величина установлена у *BM1824, BM1818, ETH3, TGLA126*.

Расчетами значения *EMR* определено, что наивысший показатель (от 10,3 до 12,1 ед.) имеют локусы: *TGLA53, INRA023, CYP21*. Особого изучения требуют локусы *ETH3* и *BM1818*, имеющих низкий показатель *EMR*.

По результатам расчета маркерных индексов (*MI*) выявлено, что 64 % локусов имеют показатель свыше 3 ед. (*BM1824, BM2113, ETH225, RM067, SPS115, TGLA126, TGLA122, MGTG4B, SPS113*). С показателем от 2,01 - 2,73 ед. – 45 % (*BM1818, CYP21, ETH3, INRA023*).

Это дает основание считать, что исследуемые локусы возможно применять в качестве маркеров достоверности происхождения, это подтверждено

расчетами маркерного индекса (*MI)* (исключения для локуса*TGLA53*, имеющего *MI* =1,7 ед.).

Для оценки генофонда быков-производителей по продуктивным качествам провели: расчет индекса РИБ (родительский индекс быка) и наблюдения за генетическим разнообразием ДНК-маркеров.

Генетический потенциал продуктивности быков-производителей рассчитали через родительский индекс быка (РИБ) (табл. 6).

Таблица 6 – Показатель индекса РИБ в разрезе родословных, X±Sx; n=15

Показатель	Индекс РИБ, среднее по породе	Индекс РИБ родословных	
		В.Б. Айдиала 1013415	Р. Соверинг 198998
Удой, кг	14091±263	14375±258	13808±301
Содержание жира, %	4,22±0,03	4,01±0,01	4,38±0,05
Содержание белка, %	3,25±0,01	3,03±0,02	3,38±0,01

Представленные показатели индекса РИБ свидетельствуют о том, что по быки, принадлежащие родословной В.Б. Айдиала 1013415 превышают Р. Соверинг 198998 по удою материнских предков за 305 дней наивысшей лактации на 567 кг (39,4 %). В тоже время быки Р. Соверинг 198998 превышают В.Б. Айдиала 1013415 по содержанию в молоке: жира на 0,37 %; белка – 0,35 % (P≥0,05).

За уровнем насыщения родословных оптимальных генотипов у изучаемого поголовья быков, наблюдали по общеизвестным маркерам (*к*- и *β*- казеинам) (табл. 7).

Таблица 7 – Генотип быков по ДНК-маркерам качества молока

Показатель	Частота встречаемости в родословной, %	
	В. Б. Айдиала 1013415	Р. Соверинг 198998
к- казеины		
AB	75	100
BB	25	-
β- казеины		
A1A2	100	60
A2A2	0	40

Нами определено, что в изучаемой популяции быков, частота встречаемости аллелей по *к*- казеинам генотипа *AB* составляет 93 % в общей численности, генотипа *BB* – 7 %. Основное поголовье быков с желательным генотипом (*BB*) находится в родословной В.Б. Айдиала 1013415 – 25 %, а в родословной Р. Соверинг 198998 быков с таким генотипом не установили.

В последнее время в селекции на сыропригодность обращают внимание на *β*- казеины, занимающие до 45 % от общего содержания казеина в молоке и 30 % в общем белке. Нашими исследованиями установлено, что генетический маркер *A1* содержит в позиции 67 – гистидин, *A2* – пролин. Обе аллели кодоминантны, частота встречаемости зависит от породы и региона разведения. В наших исследованиях оптимальный генотип – *A2A2* имели три быка-производителя, принадлежащие родословной Р. Соверинг 198998. Наиболее распространённый генотип *A1A2*, выявлен у 100 % поголовья быков родословной В.Б. Айдиала 1013415 и 60 % родословной Р. Соверинг 198998. Следовательно, только искусственный отбор даст возможность перестройки популяции для получения нужного генотипа животных по *к*- казеинам и *β*- казеинам.

Как известно в зарубежной селекции при отборе и подборе быков-производителей широко используется индекс TPI (*Total Performance Index* – совокупный индекс эффективности). Мы провели изучение соотношений показателей продуктивности и индекса TPI изучаемых быков (табл. 8).

Таблица 8 – Соотношение показателей ДНК маркеров продуктивности и индекса TPI быков-производителей ведущей группы

Показатель	ДНК-маркер		индекс TPI	
	к-казеин	*β*-казеин	среднее значение	± к среднему по родословной
P. Doozer 3132426492	*AB*	*A2A2*	2554	+85
M.B.Bettman 71074447	*AB*	*A2A2*	2336	-133
P.Twix3126779950	*AB*	*A2A2*	2329	-140
Среднее по родословной Р.Соверинг 198998	-	-	2469	-
Lovett 3128824422	*BB*	*A1A2*	2392	-19
AltaHidalgo-ET CAN 12278121	*AB*	*A1A2*	2576	+184
Среднее по родословной В.Б.Айдиала 1013415	-	-	2411	-

Как видно на представленных данных разница между средними значениями TPI родословных составляет 58 единиц (2,3 % в сторону P. Соверинг 198998). Среди быков с высоким индексом TPI производитель (родословная В.Б. Айдиала) Lovett 3128824422 по *к*-казеинам имеет оптимальный генотип *BB*.

Желательный генотип по *β*-казеинам (A2A2) имеют три быка: P. Doozer 3132426492, M.B. Bettman 71074447, P. Twix3126779950 и все они принадлежат родословной P. Соверинг 198998.

Использование показателей геномной оценки, мониторинг маркеров продуктивности и показателей TPI позволил выделить нам предпочтительных для дальнейшей селекции быков. Так, например, в родословной P. Соверинг 198998 это быки: P. Doozer 3132426492, M.B. Bettman 71074447, в родословной В.Б. Айдиала 198998 – Lovett 3128824422.

В связи с этим у нас есть основания рекомендовать проводить мониторинг популяции быков – производителей на достоверность происхождения по *STR*-аллелям, обращая внимание на показатель гетерозиготного состояния в первую очередь для всех родословных аллели *TGLA122,* по родословной В.Б. Айдиала 1013415: *BM1818, BM2113*, родословной P. Соверинг198998: *MGTG4B, TGLA126, CYP21, ETH225, INRA023, RM067, SPS113.*

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

В группу быков-производителей для осеменения селекционной группы коров и молодняка отбирать производителей не по индексу TPI, а по ДНК маркерам продуктивности: *к*- и β- казеин, отдавая предпочтение генотипу *BB* – по первому показателю и *A2A2* – по второму.

3.2 Исследование коров по продуктивным, воспроизводительным качествам и достоверности происхождения

Использование животных голштинской породы различных популяций оказало положительное влияние на формирование генеалогической структуры поголовья коров – матерей ремонтного молодняка, участвующего в наших исследованиях.

В период исследований, установили, что все маточное поголовье дифференцировано на четыре родословных голштинской породы: Вис Бэк Айдиала 1013415, Монтвик Чифтейн 95679, Рефлекшин Соверинг 198988, Пабст Говренер 882933. Отдельную группу составляют животные, отнесенные к прочим линиям. Эта группа сформирована за счет животных с не полными данными в родословной.

Принадлежность поголовья коров устанавливалась по быкам- производителя, являющимся отцами исследуемого поголовья. При изучении показателей продуктивности нами учитывались показатели материнских предков по отцам и отцам матерей. В наиболее многочисленных родословных выделены подгруппы (ветви) (рис. 4).

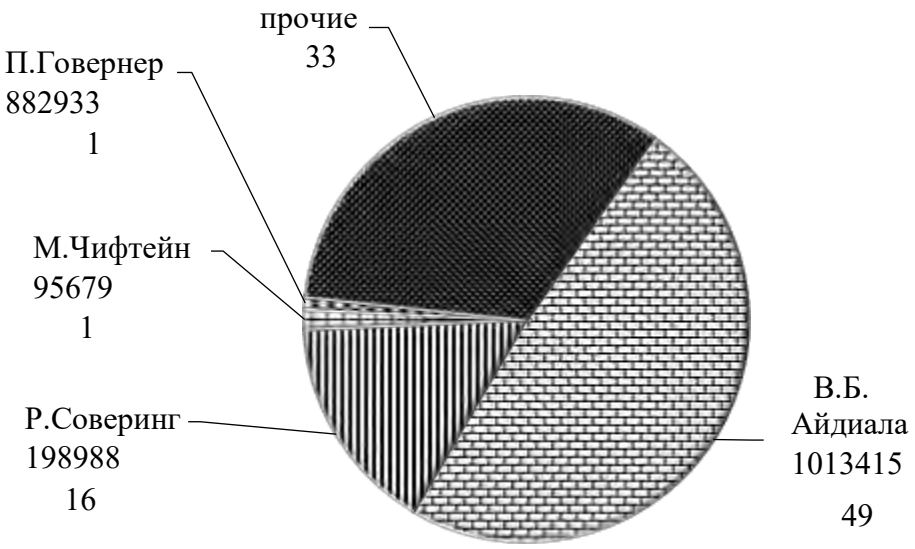


Рисунок 4 – Структура маточного поголовья (%)

Ведущей составляющей в общей структуре поголовья является родословная В.Б. Айдиала 1013415 (49 % поголовья), второе место занимает популяция животных – Р.Соверинг (16 %) отстающее, по численности поголовья, на 33 % от ведущей линии.

Показателей продуктивности коров изучили в разрезе изученных родословных (табл. 9).

Таблица 9 – Продуктивность коров в разрезе родословных

Показатель	Родословная			
	В.Б. Айдиала 1013415	М.Чифтейн 95679	Р.Соверинг 198988	П.Говернер 882933
I лактация				
удой, кг	8361±105	7575±117	8055±104	7690±111
МДЖ, %	3,83±0,02	3,81±0,02	3,83±0,01	3,86±0,02
МДБ, %	3,48±0,01	3,35±0,02	3,41±0,01	3,33±0,02
III лактация и старше				
удой, кг	8509±106	8493±102	9131±101	10254±45
МДЖ, %	3,87±0,02	3,92±0,02	3,81±0,01	3,85±0,01
МДБ, %	3,33±0,01	3,37±0,02	3,35±0,02	3,35±0,01

Данные таблицы свидетельствуют что показатели среди коров – первотелок превосходство сверстниц родословной В.Б Айдиала 1013415 над группой М. Чифтейн 95679 составило 786 кг до 9,5 % ($P \leq 0,01$).

Среди коров с третьей лактацией и старше имеют превосходство животные родословной Р. Соверинг 198988 над В.Б. Айдиала 1013415 – 622 кг молока 6,8 % ($P \leq 0,05$), над поголовьем М. Чифтейн 95679 – 638 кг (7,0 %; $P \leq 0,01$), но уступающие сверстницам родословной П. Говернер 882933 на 1123 кг (12,3 %; $P \leq 0,01$).

Комплексный анализ средних показателей физико – химических свойств молока дает основание сделать вывод, что в подконтрольной популяции коров производство молочного жира и белка по всем родословным превышает стандарты породы в 2 раза. Так среди первотелок коровы родословной М. Чифтейн 95679, имеющей наименьший показатель производства молочного жира, превышают стандарт породы на 122 кг (173 %, $P \leq 0,01$). В группе взрослых животных коровы В.Б. Айдиала 1013415 превысили стандарт на 126,3 кг (157,6

%, P ≤ 0,01). Производство молочного белка в среднем по стаду колеблется от 268,5 кг (родословная П. Говернер 882933) до 320,3 кг (В.Б. Айдиала 1013415).

Достигнутый уровень производства жира и белка по всех группах соответствует требованиям, предъявляемые к племенным организациям по производству молочного жира, белка от 1 коровы за год, т.к. превышает на 130 % требования к 1 классу породы.

В зоотехнической практике имеются многочисленные и весьма неоднозначные сведения о различиях в продуктивности животных в родословных (И. Н. Жаров, 2018).

В современной систематике доминирует изучение фактора «линейная принадлежность» и отсутствует утвержденная систематика современных «быков – производителей». В связи с этим проведен анализ продуктивности в рамках наиболее многочисленных родословных.

Результаты продуктивности первотелок за первые 100 дней лактации приведены в таблице 10.

Таблица 10 – Продуктивность первотелок с незаконченной лактацией

Линия отца	Линия отца матери	Показатели за 100 дней лактации				
		продуктивность			Живая масса, кг	Скорость молокоотдачи, кг/мин
		удой, кг	МДЖ, %*	МДБ,% **		
Р.Соверинг 198988	Р.Соверинг 198988	2972±99	3,81±0,01	3,38±0,02	571±1	2,28±0,02
В.Б.Айдиал 1013415	В.Б.Айдиал 1013415	2810±63	3,84±0,02	3,38±0,02	571±1	2,35±0,09
В.Б.Айдиал 1013415	М.Чифтейн 95679	2878±81	3,84±0,02	3,38±0,01	573±3	2,45±0,09
	Р.Соверинг 198988	2840±119	3,85±0,01	3,38±0,01	568±2	2,33±0,03
П.Говернер 95679	В.Б.Айдиал 1013415	2455±106	4,04±0,03	3,31±0,03	569±1	2,28±0,03
	Р.Соверинг 198988	2208±141	3,98±0,03	3,38±0,04	567±1	2,36±0,05
Р.Соверинг 198988	В.Б.Айдиал 1013415	2781±44	3,82±0,01	3,40±0,01	569±1	2,36±0,01
	М.Чифтейн 95679	3166±42	3,9±0,07	3,37±0,02	572±1	2,44±0,09

*МДЖ- массовая доля содержания жира в молоке, **МДБ - массовая доля содержания белка в молоке

Как следует из приведенных данных наивысшие показатели по удою имели коровы, отнесенные к родословной Р. Соверинг 198988 (+99 кг к среднему уровню). По содержанию жира и белка незначительно – В.Б. Айдиала 1013415. При внутри родственном подборе (как в группе Р.Соверинг 198988, так и В.Б. Айдиала 1013415), наблюдали максимальную продуктивность, превышающую средний показатель по стаду первотелок на 77 кг (2,7 %, Р ≤ 0,01). Физико – химические свойства первотелок колебались по содержанию жира 3,81 – 3,84 % (Р ≤ 0,01), содержанию белка 3,38 – 3,44 % (Р ≤ 0,05). При сравнении животных, полученных от кроссирования родословных, выявлено, что наиболее удачные сочетания по надою получены от кросса: ♂Р. Соверинг 198988 Х ♀М. Чифтейн 95679. Молочная продуктивность этой группы превышала средний по стаду уровень на 417 – 284 кг (14,5 – 9,8 %; Р ≤ 0,01).

Максимальная интенсивность роста молочной продуктивности наблюдается при кроссировании ♂ В.Б. Айдиала 1013415 ♀М. Чифтейн 95679, превышающей средние показатели на 123 кг (4,2 %, Р ≤ 0,01). Что позволило обозначить данное сочетание одним из перспективных. Кроссы: ♂В.Б. Айдиала 1013415 Х ♀П. Говернер 882933; ♂П. Говернер 882933 *Х* ♀В.Б. Айдиала 1013415 и Р. Соверинг 198988 имеют показатели продуктивности ниже среднего уровня на 427 кг (14,8 %) – 109 кг (3,7 %, Р ≤ 0,01). На наш взгляд данные кроссы, при формировании высокопродуктивного поголовья делают практически бесполезной систему ротации родословных, принятую в хозяйстве в качестве основного принципа подбора.

Подобная тенденция, хотя и менее заметная, прослеживается при изучении показателей продуктивности у коров по законченным лактациям. Весьма высокопродуктивное потомство получено путем кроссирования с ♂В.Б. Айдиала 1013415 дочери превзошли своих сверстниц на 276 кг; с ♂Р. Соверинг 198988, превосходство составило 157 кг (1,9%) (табл. 11).

Все выше изученные сочетания имеют показатели содержания жира, в молоке уступающие среднему показателю по стаду в пределах -0,01%, но по содержанию белка – имеют весьма значительное превосходство до 0,04 %. На

долю коров с показателями низкой продуктивности приходится 5-7 %, наблюдаемую при следующих кроссах: ♂В.Б. Айдиала 1013415 Х ♀ М. Чифтейн 95679, – 13 %; ♂В.Б. Айдиала 1013415 Х ♀ П. Говернер 882933 – 14,0 %. При изучении белковомолочности обращает на себя тот факт, что отклонения от среднего уровня довольно значительные от – 0,18 % (Р. Соверинг 198988) до +0,04 % (кросс ♂В.Б. Айдиала 1013415). Жирномолочность поголовья, в сравнении к среднему показателю также вариабельна от -0,01 % до +0,07 %, Нагляднее всего эта тенденция нами наблюдалась при кроссах: ♂В.Б. Айдиала 1013415 Х ♀М. Чифтейн 95679; ♂М. Чифтейн 95679 Х ♀ В.Б. Айдиала 1013415). Обобщая следует отметить, что темпы роста продуктивности в большинстве групп составляет 95,2 % от максимальной. Это свидетельствует о значительном резерве увеличения продуктивности дойного стада

Таблица 11 – Сравнительная оценка продуктивности коров с законченной лактацией, 305 дн. лактации

Родословная		Продуктивность максимальная			Среднее по всем лактациям			
отца	отца матери	удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %	$К_{у.л.}$
Р.Соверинг 198988		8034±575	3,85±0,02	3,31±0,02	7727±527	3,84±0,01	3,32±0,18	63±2
ИГП, %		58,2	87,9	97,9	56,0	87,7	98,2	-
П, %		93,4	100,5	94,8	93,6	100,3	94,9	96,2
В.Б.Айдиал 1013415		8027±579	3,86±0,03	3,39±0,10	7665±589	3,86±0,03	3,39±0,11	65±1
ИГП, %		55,8	96,3	111,9	53,3	96,3	111,9	-
П, %		93,3	100,8	97,1	92,9	100,8	96,9	99,2
В.Б.Айдиал 1013415	М.Чифтейн 95679	7416±970	3,90±0,07	3,39±0,02	6939±537	3,90±0,07	3,38±0,03	61±2
	П, %	88,4	101,8	99,4	87,0	101,8	99,1	96,9
	П.Говернер 882933	8124±262	3,82±0,01	3,30±0,11	6857±419	3,83±0,01	3,29±0,12	73±5
	П, %	96,9	99,7	96,8	86,0	100	96,5	115,4
	Р.Соверинг 198988	8050±336	3,84±0,01	3,34±0,07	7434±542	3,84±0,01	3,34±0,07	65±3
	П, %	96,0	100,3	97,9	93,2	100,3	97,9	102,5
М.Чифтейн 95679	В.Б.Айдиал 1013415	8415±29	3,95±0,12	3,34±0,07	7619±357	3,90±0,07	3,33±0,08	-
	П, %	100,3	103,1	97,9	95,5	101,8	97,7	
	П.Говернер 882933	7274±512	3,85±0,02	3,35±0,06	7274±702	3,85±0,02	3,35±0,06	-
	П, %	86,7	100,5	98,2	91,2	100,5	98,2	-
	Р.Соверинг 198988	8138±248	3,83±0,01	3,33±0,01	7206±702	3,82±0,01	3,30±0,11	-
	П, %	97,0	100,0	97,7	90,3	99,7	96,8	-
Р.Соверинг 198988	В.Б.Айдиал 1013415	7884±302	3,84±0,01	3,35±0,06	7741±253	3,84±0,01	3,35±0,06	65±4
	П, %	94,0	100,3	98,2	97,1	100,3	98,2	-
	М.Чифтейн 95679	8264±122	3,91±0,08	3,34±0,07	7808±168	3,89±0,04	3,32±0,06	62±5
	П, %	98,5	102,1	97,9	97,9	101,6	97,4	97,8

Показателем эффективности использования коров является коэффициент устойчивости лактации ($К_{у.л.}$). Установили, что из всех изученных групп наиболее устойчивой лактацией отличалось поголовье, полученное при внутриродственном разведении В.Б.Айдиала 1013415 и кроссах ♂В.Б.Айдиала 1013415 Х ♀П. Говернер 882933.

Отдельным этапом изучения коров разных селекций явилось сравнение их характера лактационной деятельности. Нами установлено что наиболее высокие среднесуточные показатели надоя у поголовья, завезенного из Америки. Однако Лактационная кривая имеет вил волнообразной (скачкообразно) кривой (рис. 5).

Рисунок 5 – Лактационные кривые коров различных генераций

Такая же динамика наблюдается и у венгерских и австралийских коров. Во всех этих группах наблюдается двухвершинный тип кривых, который характеризуется высокой неустойчивой лактационной деятельностью, спадающей после получения наивысшего суточного удоя и вновь поднимающаяся во второй половине лактации, что свойственно конституционально слабым коровам. Коровы этого типа имеют слабую сердечно-сосудистую систему, не приспособленную к длительной работе с высоким напряжением, таких коров следует выбраковывать.

Итак, установленные отклонения позволяют делать прогноз по дальнейшему использованию животных, т.к. общеизвестно, что удой коровы за лактацию примерно на 25 % зависит от высшего суточного удоя и на 75 % от характера падения лактационной кривой. На основе сопоставления лактационных кривых предпочтение необходимо отдавать тем животным, которые имеют не только высокий высший суточный удой, но и устойчивую лактационную кривую. Коровы с устойчивой лактационной кривой, как правило, используются в стаде дольше, и им свойственна более высокая пожизненная молочная продуктивность.

Как следует, из приведенных выше данных, по продуктивности за среднюю лактацию лидируют потомки в родословных В.Б. Айдиала 1013415 и Р. Соверинг 198988. Формирование этих наиболее многочисленных групп проходило как за счет завоза маточного поголовья, так в результате использования спермы быков – производителей с различных племенных организаций России.

Постоянный мониторинг оплодотворяющих способности, используемой спермопродукции особенно актуальны в условиях промышленного производства молока, когда эффективность репродуктивных мероприятий определяет рентабельность предприятия (Иванова И.П. и др., 2018; Ковалева Г.П. и др., 2018).

В настоящее время менеджмент искусственного осеменения, в первую очередь на крупных животноводческих комплексах, предполагает многократные осеменения коров и телок в целях оплодотворения.

Анализ оплодотворений у телок, по результатам осеменений, на 1 плодотворное, позволил установить, что наилучшими показателям являются от 1,7 дозы на 1 плодотворное осеменение. В среднем по стаду расход семени колеблется от 2,5 до 5,0 доз. Наименьшая оплодотворяемость коров от первого осеменения от 40 % до 14 % ($P \leq 0,01$). В это же группе имеются мертворожденные телята. В стаде наблюдали и аборты. Так в группе первотелок аборты составили 2,2 % (от общей численности стельных коров), у взрослых коров с третьей лактацией и старше до 2,3 %.

В целом по стаду показатели оплодотворяющей способности остаются довольно высокими. Так на одно плодотворное осеменение затрачивается по взрослым коровам – 3,1 осеменений; по первотелкам – 1,7 раз. Эти показатели являются оптимальными, с учетом высокой продуктивности дойного поголовья, и при сравнении их с краевыми показателями.

В хозяйстве в настоящее время для формирования поголовья, используется индивидуальное закрепление быков – производителей за поголовьем, идущим на осеменение, Это позволяет исключить близкородственное разведение. В результате чего средний коэффициент инбридинга по стаду составляет - 0,081742.

Как показывают материалы, в стаде имеются животные, полученные от спаривания, имеющие родство в III-II, II-III, IIV, IV-I рядах предков.

Получение максимального объема информации о родственности маточного поголовья по отцовским предкам (обработанное по 4056 головам) дало возможность выявить основные группы. Так в первом ряду предков маточного стада имеют родственность по отцу Миракулаус 62398202 – 10,8 %, Аппэлтон 62151511 – 6,1 %, Гарнер 136544126 – 4,1 %, Миллард 137633111 – 3,4 %. Потомство быка Фокус 1133 имеет общих предков в первом ряду 2,7 %, во втором 5,7 %, в 3 ряду –2,3 %.

Имеется родство и во втором ряду предков это связано с тем с тем, что основная часть быков полубсибсы по отцам, например, бык Ramos 253642 (являющегося отцом быков: Straussdale Ramos Garner USA 136544126, P.L.Miraculous USA 62398202, Bomaz Ingenius USA 64401212) имеет дочерей в 11,4% от общей численности поголовья. Родоначальник Laudan DE 578448776 (отец быков: Carl-A Appleton USA 62151511, K.-Ransom Dover USA 62030422) – имеет 5,7 %, а знаменитый P.Shottle GBR 598172 (отец L. Millard USA 137633111) – 5,4 %.

Имеющееся родство в третьем поколении на продолжателя Lukas D1012104370 – 8,6 % (от общего поголовья) обусловлено так же тем, что он является родоначальником быков: Laudan DE 578448776 (отца быков Carl-A

Appleton USA 62151511, K.-Ransom Dover USA 62030422) и Lancelot DE 254210, 10254210, DE 578194407 (отца быков: W.Pennymaker USA 61757599 и Лаберто-М 831661).

В родословной Р. Соверинг 198988 дочери быков Детектив 132563903 и Бомаз Пэтч 61980169 имеют родственное поголовье 4,4 % – 3,2 % соответственно. Быки Тобиас 135872848 и Арлигтон 136750305 имеют родство от 5,1 – 4,6 %. Это связано с тем, что бык Тобиас имеет отца E.-R.P. Boliver USA 123586443, от которого в стаде использовались еще два сына: R. Altadonnie USA 63031811, A.-L.H. Blackout USA 61898213.

Однако состав родственных подгрупп в родословной Р. Соверинг 198988 значительно меньше, чем в родословной В.Б. Айдиала 1013415. Такое явление, объяснятся тем, что генетические ресурсы обоих родословных использовались не равномерно. Выше было отмечено, что для оптимизации генеалогической структуры высокопродуктивного поголовья необходимо провести работу по инвентаризации используемых быков – производителей.

Высокопродуктивные животные – основа рентабельного молочного производства. В связи с этим мы выделили коров с рекордными показателями продуктивности (табл. 12)

Таблица 12 – Характеристика коров, матерей молодняка (X±Sx; n=207)

Показатель	Продуктивность за 305 дней лактации в среднем		
	удой, кг	МДЖ, %	МДБ, %
В.Б. Айдиала 1013415	8362±105	3,83±0,01	3,43±0,01
ИГП, %*	56,0	87,7	98,2
П, %**	93,6	100,3	94,9
Р. Соверинг 198988	8295±101	3,83±0,02	3,39±0,02
ИГП, %	53,3	96,3	111,9
П, %	92,8	100,7	96,9

* ИГП - индекс генетического потенциала,
** П - превосходства (понижение) показателей продуктивности.

Установили, что наивысший уровень продуктивности у коров в родословной В.Б. Айдиала 1013415, превышающий по удою сверстниц Р. Соверинг 198988 на 67 кг (0,8 %), по массовой доле белка в молоке на 0,04 %.

Расчет индекса реализации генетического потенциала подтвердил превосходство данной группы коров по удою на 2,7 %. Однако данный индекс по массовой доле жира и белка значительно выше в линии Р.Соверинг 198988 соответственно на 8,6 % и 17 % (Р ≤ 0,05).

Расхождения между индексами превосходства продуктивности дали основание провести анализ происхождения высокопродуктивных животных.

В результате нами было установлено, что большинство коров в линии В.Б. Айдиала 1013415 происходят от матерей и бабушек с высокими удоями по отцу и матери и большинство рекордисток происходят от неродственного подбора. Необходимо отметить, что 6 голов (30% поголовья) показали рекордный удой по первой лактации. (табл. 13).

Таблица 13 – Коровы – рекордистки по молочной продуктивности, *n*=21

№ телки	Характеристика максимальной лактации за 305 дн.						
	№ лактации	удой, кг	производство молочного жира		производство молочного белка, кг		Кул, %
			%	кг	%	кг	
Max							
1804784	3	13447	3,84	516,4	3,31	445,1	82
1804742	2	13318	3,86	514,1	3,34	444,8	96
1804826	3	12971	3,9	505,9	3,33	431,9	83
1804894	2	12963	4,02	521,1	3,38	438,1	99
Min							
1804758	2	11134	3,82	425,3	3,29	366,3	90
среднее	2,7	11061	3,85	464,6	3,33	401,5	84,7
σ	0,93	776,9	0,08	35	0,07	30,9	19,4
CV, %	0,35	6,44	2,08	7,53	2,10	7,70	22,90

На наш взгляд такое ранее проявление высокой продуктивности, часто имеет отрицательное влияние на физиологическое состояние коров.

Для оценки генетического разнообразия высокопродуктивных коров, провели исследования микросателлитных локусов: *BM1824, BM2113, BM1818, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, ILSTS006, SPS115, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53*.

Проведенные исследования позволили установить, что в настоящее время в изучаемой популяции коров уровень гетерозиготности в микросателлитных локусах высокий от 0,61 (*BM1818*) до 0,94 (*SPS115*). Наиболее гетерозиготные микросателлитные локусы: *TGLA53* – 0,90; *ETH3* – 0,917; *SPS115* – 0,945. На основании этих данных установлено, что в стаде отсутствует тесное и близкородственное разведение.

Для оценки генетического разнообразия высокопродуктивных коров голштинской породы, использовали оценку микросателлитных маркеров.

По результатам проведенных исследований установлено, что наиболее актуально изучение наиболее важных: *BM1824, BM2113, BM1818, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, ILSTS006, SPS115, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53*. Всего при анализе 16 микросателлитных локусов мы обнаружили 91 длин фрагментов. Наиболее часто встречаются длины в *BM2113* (131) – 52,06 %; CSSM66 – (158) – 60,3 %; ETH225 – (146) – 68,5 %; ILSTS006 – (295) – 69,9 %. (*TGLA122* – аллель II) (табл. 14).

Таблица 14 – Характеристика микросателлитных локусов коров, (n=73)

Микросателлитный локус	Характеристика длины фрагмента, п.н.*		Количество гомозигот	Наблюдаемая гетерозиготность, %
	минимальное	максимальное		
BM2113	121	135	26	64,3
BM1824	176	188	18	75,3
BM1818	261	267	28	61,6
CSSM66	149	162	18	75,3
CSRM60	88	100	21	71,2
ETH3	113	127	6	91,7
ETH10	203	219	20	72,6
ETH225	136	150	12	83,6
INRA023	200	212	25	65,2
ILSTS006	287	298	14	80,8
SPS115	238	244	4	94,5
TGLA227	81	103	9	87,5
TGLA126	115	123	16	78,0
TGLA122	137	181	10	86,3
TGLA53	150	182	7	90,4

По данным таблицы можно сделать вывод, что микросателлиты по длине фрагментов неоднородные, например, наибольший: *CSSM66* (149-162); *ETH3*

(113-127); *ETH225* (136-150); *TGLA122* (137-181); *TGLA53 (*150-182). Наименьший разброс длины наблюдали в *BM1818* (261-267).

Нашими исследованиями установлено, что в структуре микросателлитов, по длине фрагментов наибольший удельный вес занимают длины: 117 – 49 % (*TGLA126)*, 240 – 56,2 % (*SPS115)*; 261 – 80,8 % (*BM1818)*. Наименьшая численность длин: 206 – 5,4 % (*INRA023)*; 121 – 4,1 % (*ETH3)*; 157 – 1,37 % (*TGLA122)*; 101, 93, 85 по 1,37 % (*TGLA227)*.

Наиболее характерная структура представлена на рисунке 6.

После изучения полученных данных установили, что наиболее распространенные длины: *BM2113* – 131 (52,1 %); *CSSM66* – 158 (60,3 %); *ETH225* – 146 (68,5 %); *ILSTS006* – 295 (69,9 %). При этом редко наблюдали длины в микросателлитах: *INRA023* (206 и 201); *TGLA227* (103 и 93); *TGLA122* (171); в *SPS115* (242); *ETH225* (144, 142, 136); *TGLA53* (174, 150) по 1,37 %.

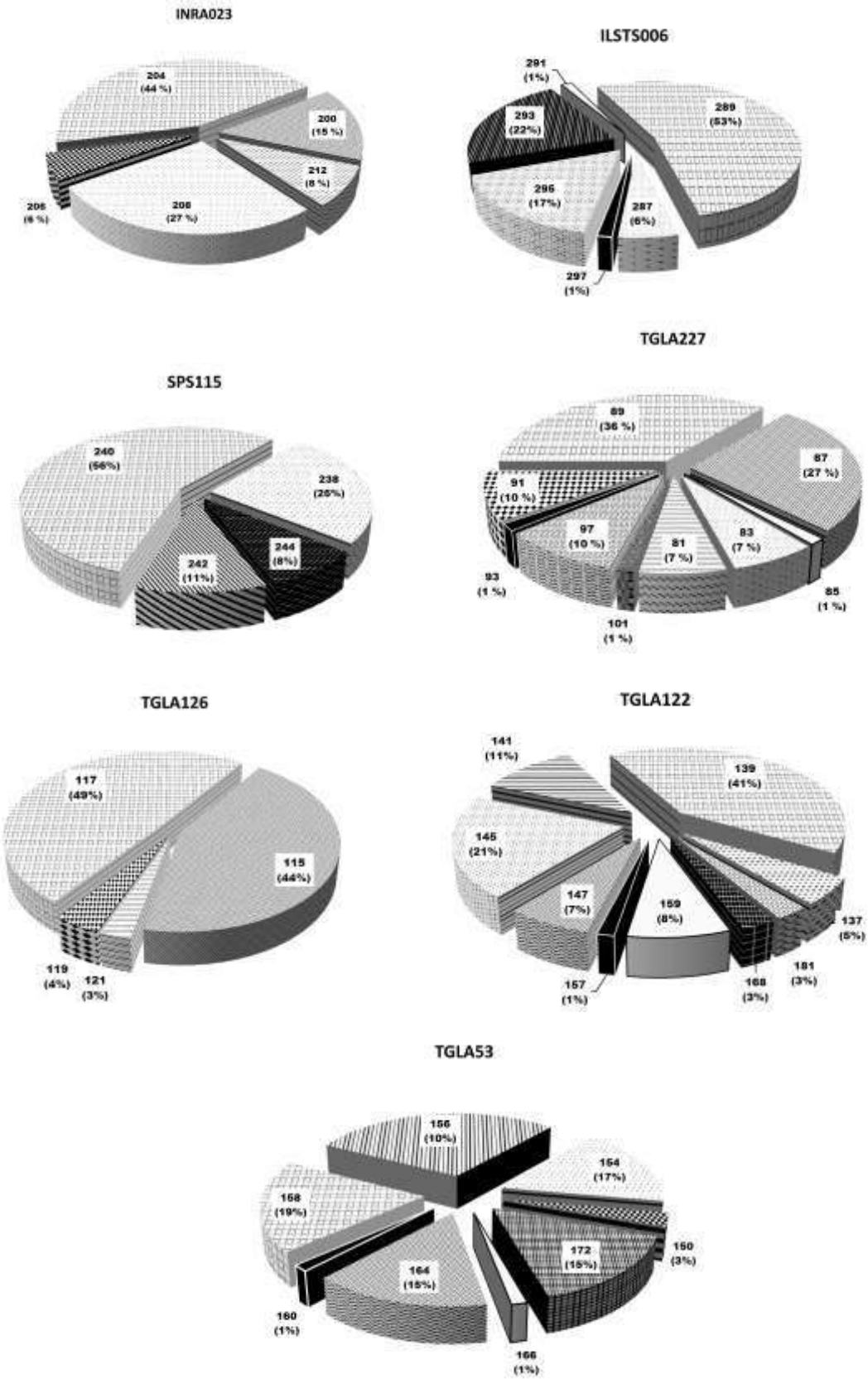


Рисунок 6 – Структура микросателлитных локусов по длине фрагментов

Наблюдаемая гетерозиготность оказалась достаточно высокой у всех микросателлитов от 0,616 (*BM1818*) до 0,945 (*SPS115*), наиболее гетерозиготные: *TGLA53* – 0,904; *ETH3* – 0,917; *SPS115* – 0,945.

Используя полученные результаты рассчитали доверительный интервал (*Fis*). Для всех изучаемых группах значения *Fis* находились в пределах доверительного интервала (95 %), что подтверждает отсутствие инбридинга в изученной группе коров. Популяция коров имеет устойчивую генетическую структуру.

3.3 Аллельный полиморфизм молодняка

3.3. 1 Формирования селекционной группы молодняка

Выявление высокопродуктивных животных – основа рентабельного и конкурентоспособного молочного производства. Важной задачей селекционной работы является выявление животных с рекордными показателями. Это позволяет использовать уникальные генотипы для улучшения и совершенствования всего массива популяции (Баранова Н.С. и др.; 2017; Янчуков И.Н. и др.; 2018).

В современных процессах породообразования выявление предпочтительных, с точки зрения селекции вариантов генов, дополнительно к традиционному отбору животных, может способствовать разработке новой системы отбора и подбора животных на генетическом уровне, с планированием получения через заказное спаривание молодняка, следующей генерации с заданными генотипами (Коханов М.А., Коханов А.П., 2014; Donnik I.M. и др., 2017; Амерханов Х.А. и др., 2019).

Показатели продуктивности, линейной принадлежности, порода и породность предков, определяют наследственные задатки телок, идущих на ремонт продуктивного поголовья. В первую очередь для этой работы важно использовать показатели молочной продуктивности материнских предков на первом

этапе составления плана подбора родительских пар, и расчета генотипа будущего потомства (Жигачев А.И. и др. 2008; Magee D.A. et al; 2018). Такая работа повышает значимость генотипа матерей в селекционном процессе, использовать рекордисток для эмбриотрансплантации в качестве коров – доноров и позволяет в 1,5 раза сократить интервал между смежными поколениями. А также ускоряет раскрывание механизма реализации генотипа (Ескин Г.В. и др., 2018; Щербакова Н.А. и др., 2020).

В связи с этим целью исследования являлось оценка ремонтных телок, полученной, в хронологически наиболее ранний этап развития, для использования в дальнейшей селекционной работе.

Анализ генофонда телок с высоким показателем РИТ, показывает, что для формирование селекционной группы необходимо отбирать телок с показателем РИТ в пределах от 11499 до 12981 кг с разницей +1482 кг (11 %, $P \leq 0,01$). Это даст возможность уплотнения генофонда родословной и ее насыщение высокопродуктивными предками.

После расчета основных составляющих показателей продуктивности в родительских индексах, все поголовье было распределено в две опытные группы (таблица 15).

Таблица 15 – Характеристика опытных групп (n=207)

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

Как видно из представленных в таблице данных показатель коэффициента вариации в изучаемых группа менее 33 %, это свидетельствует о том, что в отобранные группы однородные по показателям. Разница между средними показателями в группах составила: 2656 кг молока (23,8 %, $P \leq 0,001$). Схемы формирования представлена на рисунке 7.

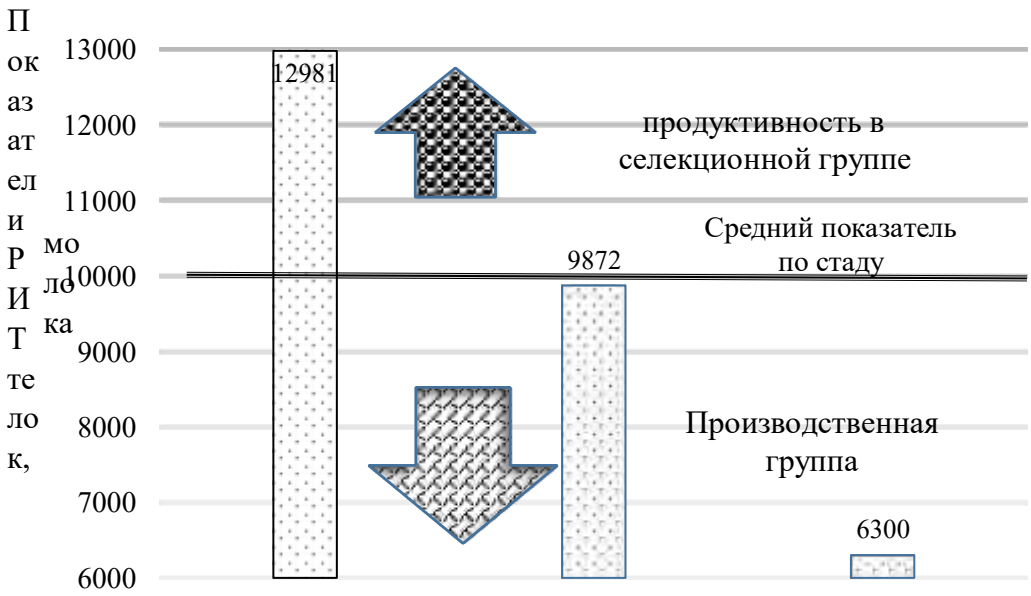


Рисунок 7 – Схема распределения молодняка по индексу РИТ

Как видно на представленном рисунке, в качестве усреднённого показателя, был принят РИТ = 9872 кг молока. Разброс показателей составил 6681 кг (51,5 %; P ≤ 0,01) от наименьшего к наивысшему. Средний показатель РИТ у отобранного молодняка во II группу (селекционную) больше на чем в I группе (производственной) на 2656 кг (23,6 %). В связи с этим, была выявлена, необходимость выделения телок, планируемых для формирования селекционной группы (рисунок 8).

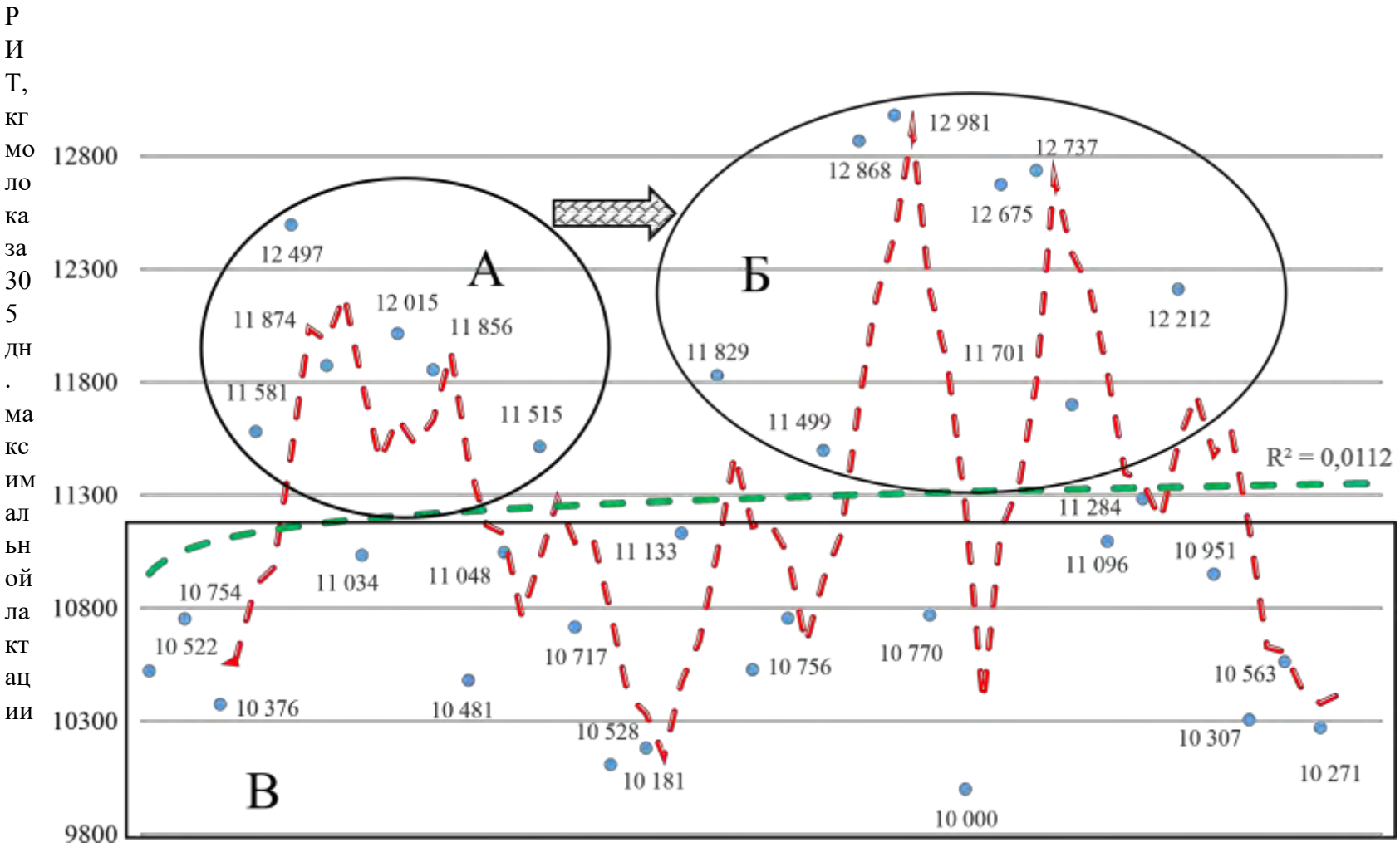


Рисунок 8 – Разброс значений РИТ у телок с высокой продуктивностью материнских предков

А и Б показатели РИТ телок, планируемых для включения в быкопроизводящую группу;

В - показатели РИТ телок, планируемых для включения в селекционную группу

Однако при сравнении с базисными показателями голштинской породы США (12270 кг, содержание жира – 3,7 % и белка – 3,04 %) средний показатель РИТ селекционной группы оказался на 1014 кг молока (8,2 %).

Этот факт, повлиял и на преимущество показателя РИБ (+ 2752 кг молока; 19,6 %), т.к. сперма быков-производителей также завезена из США, их родословная насыщена матерями, имеющими наивысшую продуктивность.

При этом РИТ превышал РИК ведущей группы на 1,7 %, что на наш взгляд оптимально, с учетом интервала между поколениями и дает возможность планомерного повышения продуктивности в среднем по поголовью.

Тем не менее, выявленное значительное преимущество импортного поголовья обуславливает более детальный поиск диагностических ресурсов оптимизации поголовья.

3.3.2 Изучение достоверности происхождения молодняка

Используемые методы разведения в хозяйстве такие как: внутрилинейный подбор и кросс линий, а также индивидуальное закрепление быков-производителей, позволяют исключить близкородственное разведение. Это подтверждает рассчитанный нами средний коэффициент инбридинга по всему исследуемому поголовью, который составил: f=0,0817 это ниже, чем у ожидаемого инбридинга по молодняку, родившемуся в 2010 в стадах США на 6,02 пункта (данные ассоциации голштинского скота Америки). В исследуемых группах разница по коэффициенту инбридинга составила 0,005 % в пользу высокопродуктивной группы (II).

Однако от размеров референтной популяции зависит точность геномного прогноза (Donnik I.M. et al, 2018; Прищеп Е.А. и др., 2019).

В связи с этим нами изучена достоверность происхождения животных по 200 *SNP*, используя данные биочипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel». В соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (ISAG) по использованию *SNP* среди них были выделены основные и дополнительные (приложение 1).

Результаты изучения достоверности происхождения и структура гомозиготных *SNP* в группе телок с РИТ свыше 11 тыс. молока, представлены в приложении.

В результате проведенных исследований установлено что коэффициент повторяемости различных *SNP*, характеризующий достоверность происхождения в изучаемых группах различная.

Структура гетерозиготных *SNP* представлена на рисунке 9.

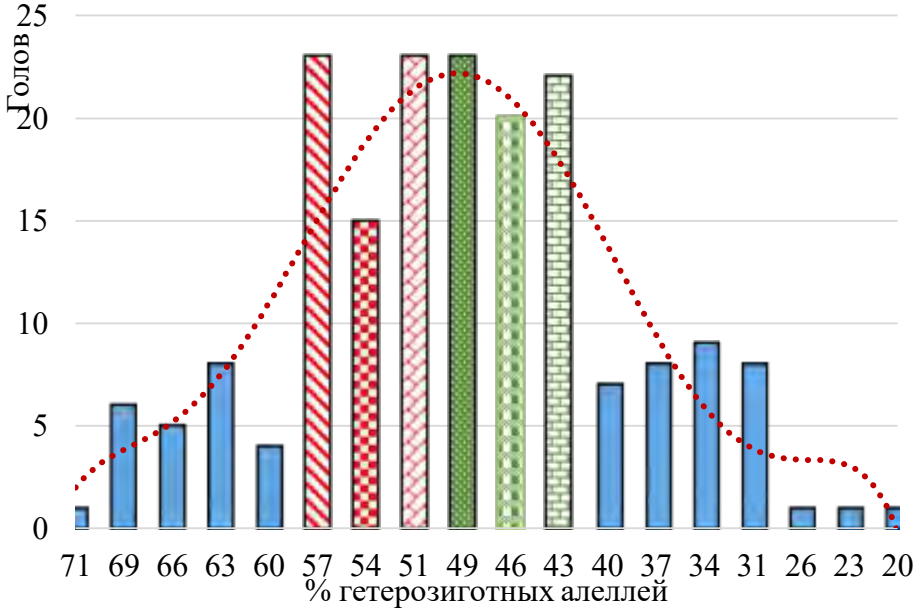


Рисунок 9 – Частота встречаемости гетерозиготных генотипов в *SNP*

На рисунках 10-15 и в таблице 16 представлены наиболее характерные виды сочетаний аллелей в группе телок с РИТ свыше 11,3 т. молока.

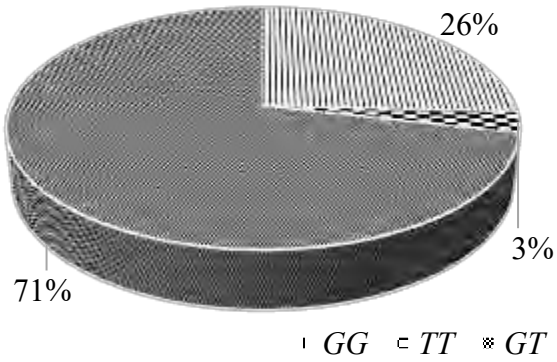


Рисунок 10 – Характеристика *SNP ARS-BFGL-NGS-86662*, имеющего 71 % гетерозиготности

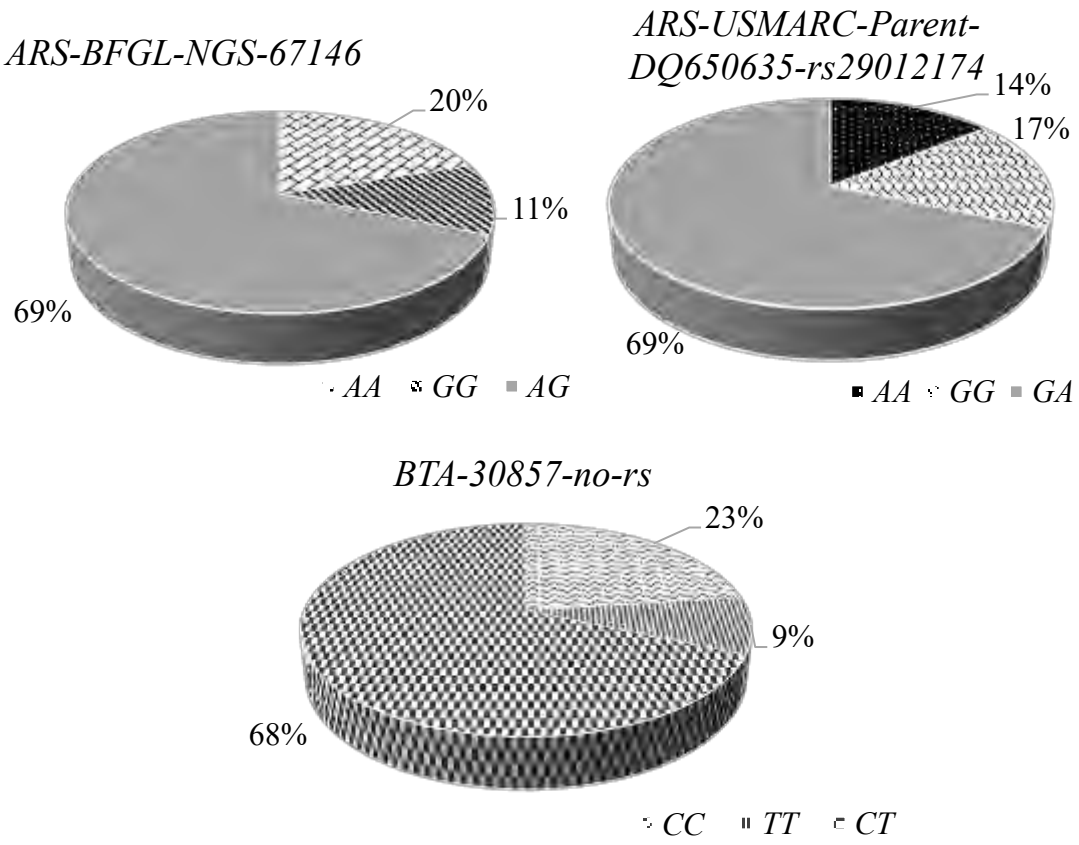


Рисунок 11 – Характеристика *SNP* с 68,6 % коэффициентом гетерозиготности

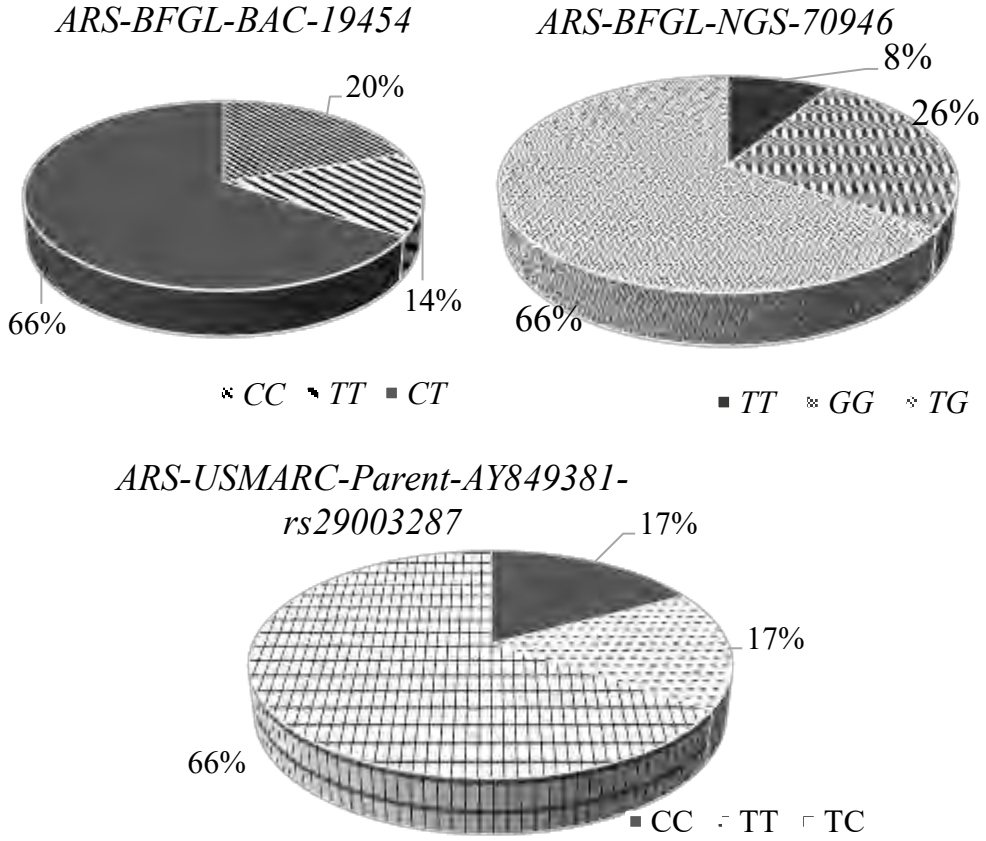
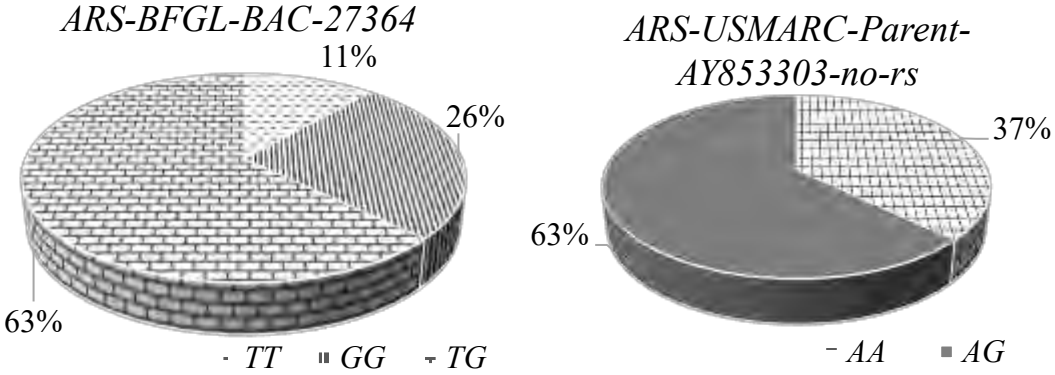


Рисунок 12 – *SNP* с коэффициентом гетерозиготности 65,7 %



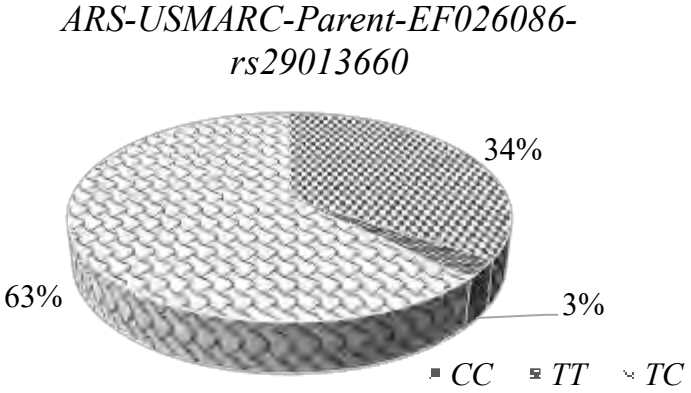
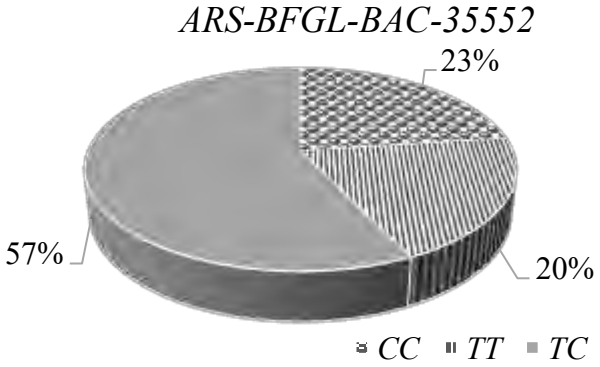
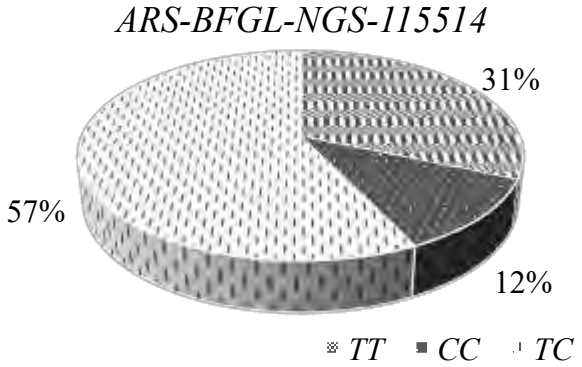


Рисунок 13 – *SNP* с коэффициентом гетерозиготности – 62,9 %





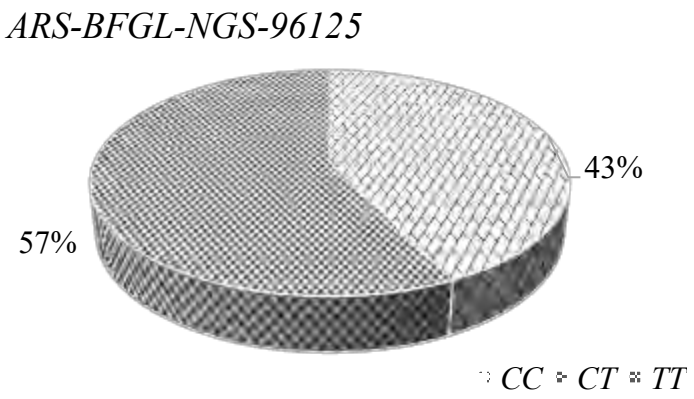


Рисунок 14 – *SNP* характеризующиеся 57,1 % степенью гетерозиготности

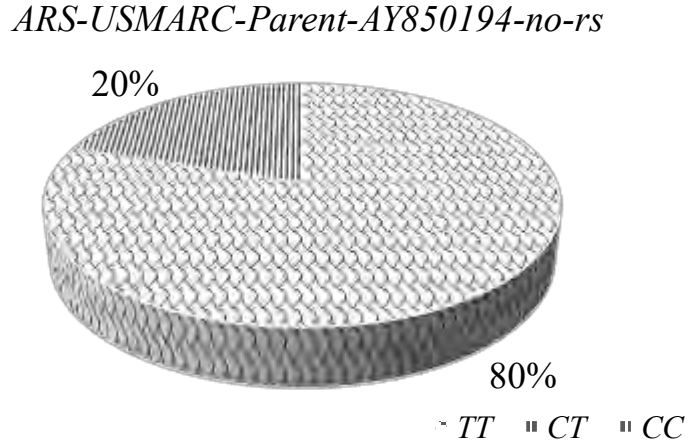


Рисунок 15 – *SNP* с коэффициентом гетерозиготности 20 %

Таблица 16 – *SNP* характеризующие достоверность происхождения молодняка (*n*=200)

№ *SNP* на панели чипа	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

В изучаемых группах установлено что наибольшее число рекомендованных ISAG повторений, по альтернативной и референсной аллели, в *SNP ARS-BFGL-NGS-86662*(генотип *GT*). Это на 0,4 % больше чем в *SNP BTB-00818821* (генотип *CT*), имеющей наименьший показатель повторяемости – 0,314% (P ≤ 0,05).

В селекционной группе (РИТ свыше 11 тыс. кг молока) по основным *SNP* наивысшая повторяемость в: *ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174 (*генотип *GA); ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287 (*генотип *CT)* и *ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs (*генотип *AG)* с показателем 0,686 – 0,629 % (P ≤ 0,05).

В этой же группе по дополнительным *SNP* высокая повторяемость в: *ARSBFGL-NGS-86662 (*генотип *GT)*; *Hapmap51227-BTA-41809 (*генотип *GA)* с разницей 0,085 % (P ≤ 0,01).

В производственной группе (РИТ 8,6 тыс. кг) повторяемость по основным *SNP*: *ARS-USMARC-Parent-DQ650635-rs29012174 (*генотип *GA)* и *ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287 (*генотип *CT)* – 0,069 %. По дополнительным *SNP*: *BTA-30857-no-rs (*генотип *CT) и ARS-BFGL-BAC-19454 (*генотип *CT)* – 0,224 %.

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

Данные, полученные в представленной работе, свидетельствуют о том, что генетическое разнообразие популяции голштинского скота может быть выражено различными показателями.

Однако только ранняя оценка родительского индекса телок (РИТ) дает достоверную возможность для раннего формирования селекционной группы телок.

Для проведения такой работы мы предлагаем отбирать молодняк с показателем РИТ свыше 11,5 тыс. кг молока, с разбросом между крайними значениями показателя не менее 11 %.

При отборе молодняка в селекционную группу рекомендуется исследовать достоверность происхождения с использованием ДНК технологий. Наиболее оптимальным является использование *SNP*-чипа «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel», позволяющего проводить одновременно анализ 200 аллельных вариантов.

При оценке молодняка, отбираемого в селекционную группу уделять внимание на повторяемость в основных аллелях: *ARS-USMARC-ParentDQ650635-rs29012174 (*генотип *GA)*; *ARS-USMARC-Parent-AY849381-rs29003287 (*генотип *CT)* и *ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs (*генотип *AG)*, в которых оптимальный генотип должен быть повторяться до 68,9 %.

По дополнительным *SNP* учитывать высокую повторяемость в аллелях: *ARS-BFGL-NGS-86662 (GT)* и *Hapmap51227-BTA-41809 (GA)*.

3.3.3 Структура генов-маркеров продолжительности производственного использования молодняка

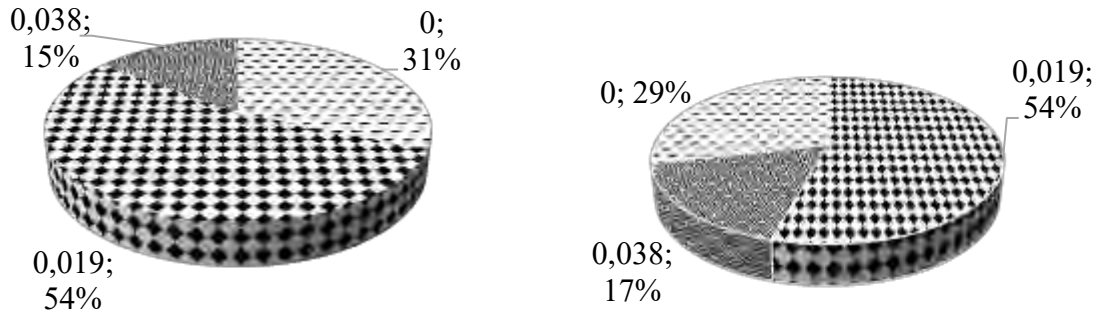
В современных процессах породообразования выявление предпочтительных, с точки зрения селекции вариантов генов, дополнительно к традиционному отбору животных, может способствовать разработке новой системы отбора и подбора животных на генетическом уровне, с планированием получения через заказное спаривание молодняка, следующей генерации с заданными генотипами. (Гарковенко А.А., 2017).

В нашей работе популяция крупного рогатого скота голштинской породы изучается по нескольким направлениям: генеалогической структуре, племенным свидетельствам и экстерьерному профилю животных, структуре микросателлитных локусов, показателям гетерозиготности, значению *Fis*. Проведенные исследования показали, что высокопродуктивная группа коров и быков и имеет устойчивую генеалогическую структуру, в ней отсутствует тесный инбридинг, в связи с этим имеются многочисленные варианты моделирования дальнейшей селекционно-племенной работы.

Для изучения генофонда телок, идущих на ремонт стада, в первую очередь важно изучить предрасположенность их генетическим заболеваниям, которые в наибольшей степени влияют на продолжительность жизни животного (Zhang Y. et al., 2015).

Согласно вышесказанному нами с использованием *SNP*-панели (биочипа) «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel» проведено исследование насыщения генофонда наследуемыми заболеваниями в изучаемой популяции молодняка.

Установлено что в обеих группах, коэффициент гетерозиготности имеют 54 % поголовья – 0,019 ед. (рисунок 16).



А *Б*

Рисунок 16 – Гетерозиготность поголовья по генетически наследуемым заболеваниям

А – I группа, *Б* - II группа

(коэффициент гетерозиготности, % от общей численности поголовья в группе)

По признакам, характеризующим наследственные заболевания животные имеют гомозиготное сочетание генотипа от 31 % (I группа) до 29 % (II группа) и одинаковую степень гетерозиготности.

При оценке опытных групп по наличию сочетаний, характеризующих предрасположенность к проявлению заболеваний, установили межгрупповые различия.

Исследованиями *SNP* №207, 212, 236, 259 выявили сочетания, обуславливающие возможность возникновения заболеваний.

Так, например, по структуре гена-маркера *LRP4* (S*NP* №212), характеризующего мутации в гене белка 4, синдактилию, имеются различия. В группе телок с РИТ 11,3 тыс. кг молока обнаружили 3 % животных от общего поголовья, которые несут в своем генофонде негативное сочетание *AA* (рисунок 17).

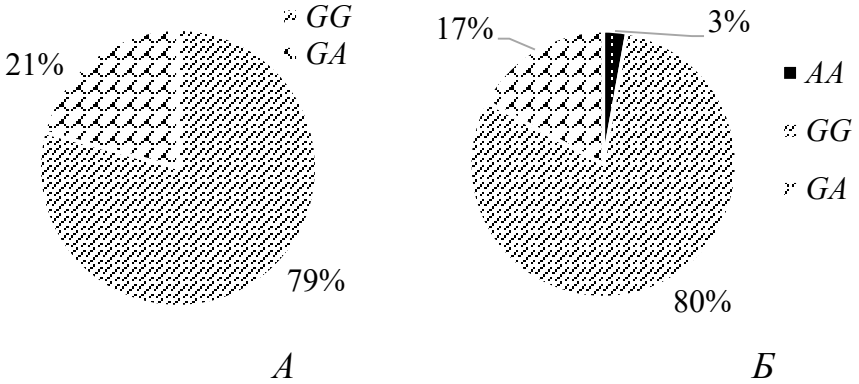


Рисунок 17 – Характеристика гена-маркера *LRP4*

А – I группа *Б* - II группа *(% от общей численности поголовья в группе)*

Позитивное сочетание *GG* установлено в равных количествах у обеих групп по 79-80 %, нейтральное сочетание аллелей (*GA*) в группе с высоким показателем РИТ меньше на 4 %. В связи с этим в второй группе (РИТ = 11,3 тыс. кг молока) имеются животные у которых имеется генотип обуславливающий наследование, по аутосомно-доминантному типу заболевания – синдактилия, характеризующийся сращиванием и заболеваниями конечностей. Это обуславливает не до получение здорового, хорошо развитого приплода, сокращения периода производственного использования телок, снижение их воспроизводительных способностей.

При оценке опытных групп по гену-маркеру *APAF1 (SNP* №236), обуславливающих воспроизводительные способности животных выявили такие же межгрупповые различия (рисунок 18).

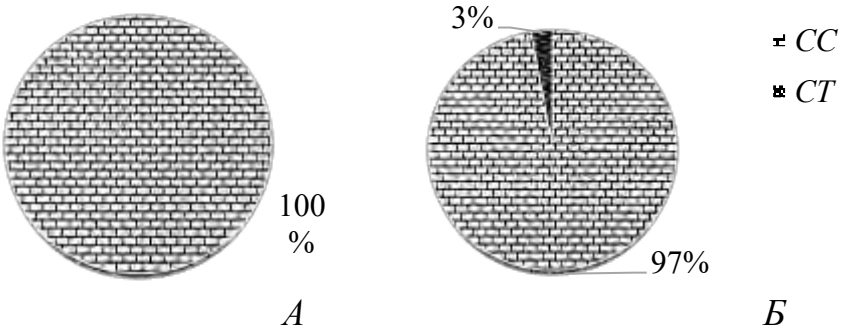


Рисунок 18 – Характеристика *APAF1_SNPchr5_63150400*
SNP №236

А – I группа, *Б* - II группа (*% от общей численности поголовья в группе)*

В структуре *SNP* №236 – характеризующий гаплотип *HH1*, весь молодняк I группы имеет позитивный генотип (*CC*). У молодняка II группы наблюдали нейтральное, гетерозиготное сочетание (генотип *CT*) в 3 % случае. Как положительный необходимо отметить тот факт, что в изучаемых группах негативное сочетание (*TT*) нами не обнаружено.

Гаплотип *HH3* – влияет на снижения продолжительности стельности коров на всех стадиях до 3,1 %. На рисунке 19 приведена структура поголовья по гену-маркеру *SMC2* (*SNP* №259), связанного с эмбриональной смертностью на разных сроках стельности.

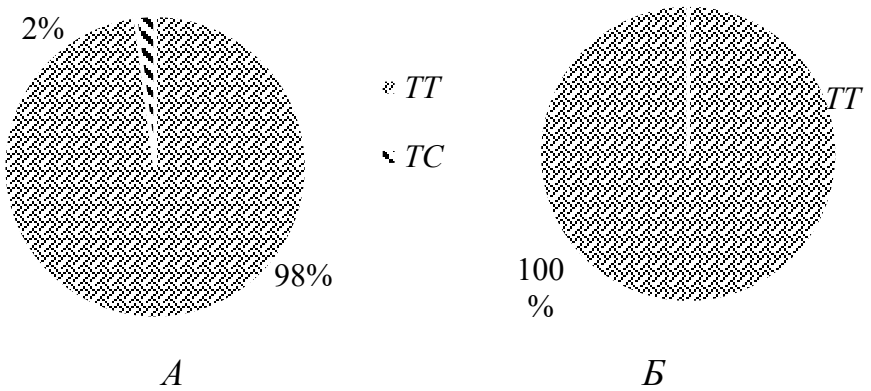


Рисунок 19 – Характеристика *SMC2_SNPchr8_95410507* – гаплотип *HH3*
SNP 259
А – I группа, *Б* - II группа, *(% от общей численности поголовья в группе)*

При анализе данных установили, что в I группе до 2 % поголовья имеют негативное сочетание (*TT*), что возможно будет обуславливать удлинение сервис-периода, межотельного периода и отразиться на эффективность производственного использования животных. В связи с этим возникает необходимость корректировки работы по отбору быков-производителей, т.к. по данным ученых ВИЖ до 12 % из всех импортируемых быков имеют в своем генотипе данный гаплотип, влияющий на снижение воспроизводства маточного поголовья.

На рисунке 20 представлена характеристика гена-маркера *SNPchr8_108833985* (*SNP* №207), обуславливающего возникновение кератоконъюктевита.

Кератоконъюктевит – заболевания наносят большой экономический ущерб хозяйствам. У животных уменьшается надой молока, замедляется рост и развитие молодняка, откормочные качества снижаются. В среднем 25–30 % переболевших животных остаются слепыми, столько же теряют зрение на 50 % и более и лишь у остальных сохраняется зрительная способность.

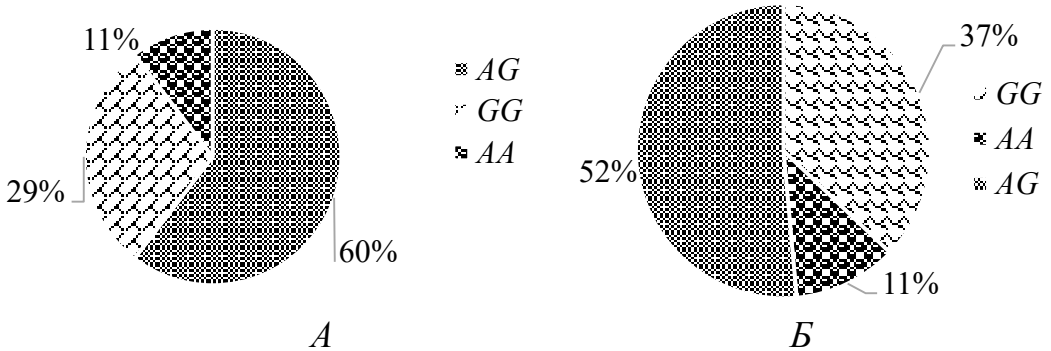


Рисунок 20 – Характеристика *_SNPchr8_108833985* – кератоконъюктевит *SNP* №207

А – I группа, *Б* - II группа, *(% от общей численности поголовья в группе)*

Сопоставляя данные *SNP* №207, нами установлено что негативное гомозиготное сочетание аллелей *AA* занимает по 11 % в каждой группе. При этом гетерогенное, нейтральное сочетание (*AG*) по 52 % (I группа) и 60 % (II группа). Комплексной оценкой установлено, что во II группе на 8 % меньше молодняка, предрасположенных к проявлению заболевания, имеющих генотип *AG* и *AA*.

Это исследование дает возможность утверждать, что возникновение воспаления заболеваний глаз в I группе телок (РИТ 8,6 тыс.) может вызвать снижение продолжительности производственного использования на 25 %.

Полученные данные редко обсуждаются в российских источниках. Однако быки-производители голштинской породы, сперма которых завозиться из-за рубежа могут оказаться носителями ряда скрытых рецессивных аномалий, ведущих к серьезным последствиям для животных. По вопросам иммунитета, рецидивов и носительства возбудителя у разводимого дойного поголовья, и ремонтного молодняка, в настоящее время имеются разноречивые данные. Однако установлено, что они тесно связанные между собой и заслуживают самого пристального внимания, подлежат дальнейшему изучению.

3.3.4 Разнообразие генов-маркеров продуктивных качеств молодняка

Использованная нами панель *SNP*-чипа позволила провести молекулярно-генетические исследования группы маркеров, ассоциирующиеся с продуктивными качествами животных (*SNP*=12), включающих признаки показателей качества молока и мяса.

В результате проведенных исследований установили, что из 12 исследуемых признаков только по двум встречаются гетерозиготные сочетания. В таблице 17 представлены результат наших исследований по генам-маркерам, имеющим 100 % позитивное, гомозиготное состояния.

Таблица 17 – Показатели генов-маркеров в гомозиготном состоянии

№ на панели	Идентификатор, значение замены	Опытная группа	
		I	II
208	*ABCG2_SNPchr6_38027010* - мутация в гене АТФ	*AA*	*AA*
242	*CSN1S1_SNPchr6_87157909* - белок А1 казеин	*GG*	*GG*
243	*CSN1S2_SNPchr6_87266177* белок А2 казеин	*CC*	*CC*
228	*GH1_SNPchr19_48768774+_SNPchr19_48768834* - мутация в гене гормона роста	*GG*	*GG*
232	*MSTN_SNPchr2_6213980* – увеличенная мускулатура	*CC*	*CC*
234	*MSTN_SNPchr2_6218499* - увеличенная мускулатура	*GG*	*GG*
244	*LALBA_SNPchr5_31348380* - белок лактальбумин ген бета-лактоглобулин	*CC*	*CC*

Для изучения влияния генов, отвечающих за продуктивность и развитие мускулатуры, провели генотипирование. Это исследование актуально и вызвано тем что в данной популяций ведется селекция на желаемый признак продуктивности путем подбор родительских пар.

В выборке при анализе гена-маркера *DGAT1* (*SNP* 222) у телок голштинского скота отметили, высокую частоту встречаемости аллея *A*. Установили следующую структуру *SNP* в I опытной группе: *AA* – 17 %, *GG* – 50 %, *GA* – 17. Эти показатели отличаются от II группы на 7,4 и 28 %. (рисунок 21).

В результате генотипирования телок голштинской породы по *SNP DGAT1_SNPchr14_1802265* установили следующие генотипы: *AA, GA, GG*.

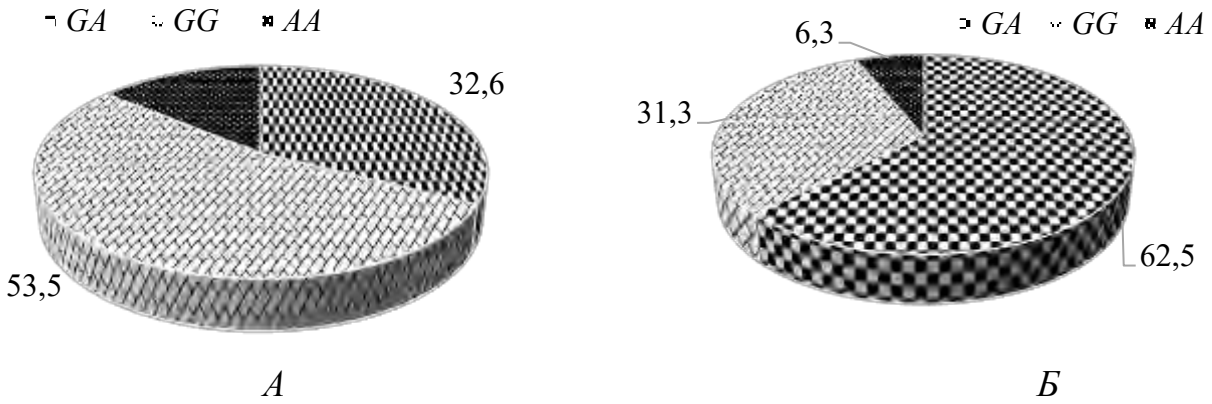


Рисунок 21 – Структура поголовья по *DGAT1_SNPchr14_1802265*
SNP № 222
А РИТ – 8,6 тыс. кг молока Б РИТ – 11,3 тыс. кг молока
(% от общей численности поголовья в группе)

Наименьшая концентрация в структуре I группы генотипа *A* – 33,7 %, а наибольшая *G* (66,3 %). Преобладание составило 1,96 раза. В популяции животных II группы установили обратную закономерность: концентрация *A* – 63,2 %, *G*– 36,8 %.

На данном рисунке представлена структура гена-маркера. Выявлено, что в группе РИТ - 11,3 тыс. кг молока гомозиготное состояние *GG* - 33,3 % и *AA* - 6,3%. При этом желательный для селекции - гетерозиготный *GA*- вариант присутствовал с высокой частотой - 62,5 %. В выборке с РИТ 8,6 тыс. кг молока гомозиготное состояние занимает соответственно: 53,5 % (*GG*) и 14 % (*AA*). Доля гетерозиготного состояния - 32,6 % (*GA*).

Расхождения в частоте встречаемости желательного генотипа *GA* не случайны. Причиной является искусственный отбор, в результате которого в высокопродуктивной популяции произошло смешение равновесия в сторону преобладания *GA*-генотипа.

Расчеты статистической величины – маркерного индекса (*MI*) по гену маркеру *DGAT1_SNPchr14_1802265* показали, что ожидаемая гетерозиготность (*He*) значительно выше наблюдаемой от 0,342 до 0,594 значений, следовательно, данная популяция ремонтных телок – инбредна по данному гену (таблица 18).

Таблица 18 – Расчет маркерного индекса (*MI*) *SNP DGAT1_SNPchr14_1802265*

Показатель	Опытная группа	
	I	II
Генотип *GG*	0,54	0,63
Генотип *AA*	0,14	0,06
Генотип *GA*	0,33	0,31
He *	0,891	0,904
Fis	0,206	0,183
EMR	0,0025	0,0030
MI	0,0023	0,0027

В связи с тем, что маркерный индекс (*MI*) имеет низкие (0,0022 – 0,0027) значение, то данный ген использовать, в качестве маркера, не представляется возможным.

По *SNP* №233, второму по значимости показателю, влияющему на рост и развитие молодняка, у всех анализируемых выборок животных, было установлено различие (рисунок 24). Увеличенная мускулатура – это признак, вызванный мутациями в гене миостатина (*MSTN*) (ранее называемом *GDF8*). Миостатин – ингибитор мышечного роста. Любые мутации в этом гене приводят к ухудшению его регуляторной функции и, соответственно, к увеличению развития мышцы, приводит к чрезвычайной мышечной гипертрофии, увеличению веса при рождении, увеличению нежности мяса.

Высокая частота встречаемости аллели *GG* (31–35 %) и сочетания *GA* (52 – 63 %) повлияло на смещение генетического равновесия и обусловило частоту встречаемости *AA* в I группе на 7 % больше, чем в группе II.

Следовательно, в группе I вероятность получения крупного новорожденного теленка на 11 % выше чем в группе II. В свою очередь крупноплодность прямо пропорционально влияет нормальное течение отела. Это дает основание рекомендовать изучение структуры данного *SNP* в дальнейшей селекционной работе.

Исследованиями *SNP MSTN_SNPchr2_6215942* выявили генотипы: *CC, CT, TT* (рисунок 22). Установили, что в группе с РИТ 8,6 тыс. кг молока частота встречаемости генотипа *T* составила 31,4 %; *C* – 68,6 %, и группе с РИТ

11,3 тыс. соответственно 32,4 % и 67,4 %. Следовательно, в обеих опытных группах наблюдается преобладание *С*-генотипа над *Т* в 2 раза.

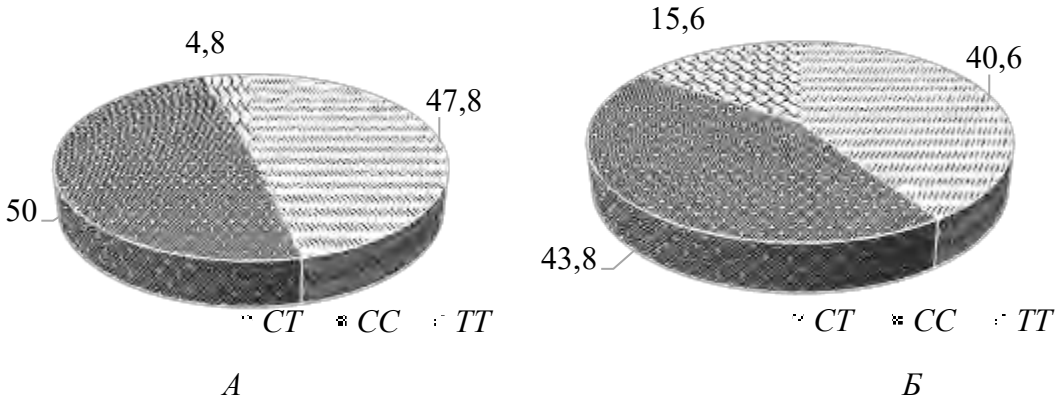


Рисунок 22 – Структура поголовья по гену *MSTN_SNPchr2_6215942 SNP* №233

А – I группа, *Б* - II группа *(% от общей численности поголовья в группе)*

В I группе определили наибольшие показатели доли гетерозиготного состояния, желательного для селекции, *CT*-генотипа на 7 % и гомозиготного генотипа *CC* на 6,2 %, а гомозиготного генотипа *AA* меньше на 10,8 %, чем во II группе. Можно предположить, что имеющаяся доля гомозигот в стаде (до 59,4 %) будет способствовать в дальнейшем получению животных желательного типа (таблица 19).

Таблица 19 – Расчет индекса (*MI*) по *SNP MSTN_SNPchr2_6215942*

Показатель	Генотип	
	РИТ 8,6	РИТ 11,3
Генотип *TT*	0,05	0,15
Генотип *CC*	0,5	0,44
Генотип *CT*	0,45	0,41
He	0,798	0,832
Fis	0,364	0,308
EMR	0,0047	0,0053
MI	0,0038	0,0044

Установлено что для *SNP MSTN_SNPchr2_6215942* значение маркерного индекса (*MI*) невысокое от 0,0021 до 0,0044, следовательно, в данной популяции молодняка *SNP MSTN_SNPchr2_6215942* не рекомендуется использовать в качестве маркера.

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

Современные коровы значительно отличаются от своих предков по биологии, поведению и продуктивности.

Исследованиями В.В. Гудыменко, В.И. Гудыменко (2014), В.А. Панин, (2015), установлено что кожный покров играет большую роль в жизнедеятельности организма животных.

Характерным признаком голштинской породы является черно-пестрая масть. В современной популяции породы очень часто встречаются животные с преобладанием белой масти.

Как известно, характерным признаком появления белой масти является нарушение пигментации, приводящее к появлению пегости, вплоть до равномерной белой окраски тела животного. L. Liu с коллегами (2009) сообщили об идентификации локуса, контролирующего фенотип spotting, на хромосоме 22 у гибридов голштинской и джерсейской пород в районе гена *MITF.* Путем ресеквенирования этого гена у представителей четырех итальянских пород скота L. Fontanesi с коллегами (2012) установили, что данный локус явно контролирует пегий фенотип, но это не единственный генетический фактор, контролирующий пегость у итальянских пород.

Полногеномный анализ ассоциаций пропорции черного цвета в окраске быков голштинов показал, что три локуса (*KIT*, *MITF* и локус на хромосоме 8) объясняют 24 % дисперсии по этому признаку (Hayes et al., 2010), а остальная часть дисперсии находится под контролем большого числа локусов с малым эффектом.

Для всестороннего понимания генетики окраски необходимы исследования как общих паттернов (например, монотонность или пятнистость), так и частных случаев (например, пигментация вокруг глаз или наличие черных пятен на кончиках ушей) (Юдин Н.С., Белоногова Н.М., Ларкин Д.М.; 2018).

Для изучения, одного из такого случая - появление белой окраски (в дословном переводе с английского – синдром белого симментала), мы сопоставили два *SNP*: *MITF_SNPchr22_31746502* и *MITF_SNPchr22_31769189*. По первому сочетание аллелей в обеих группах позитивное (*CC* – 100%). По второму *MITF_SNPchr22_31769189* (синдром белого симментала) выявлено что в во второй группе телок с РИТ 8,6 тыс. кг молока все поголовье имеет позитивное сочетание, в первой группе (РИТ свыше 11 тыс. кг молока) 14 % имеет негативное сочетание аллелей *TA* (рисунок 23).

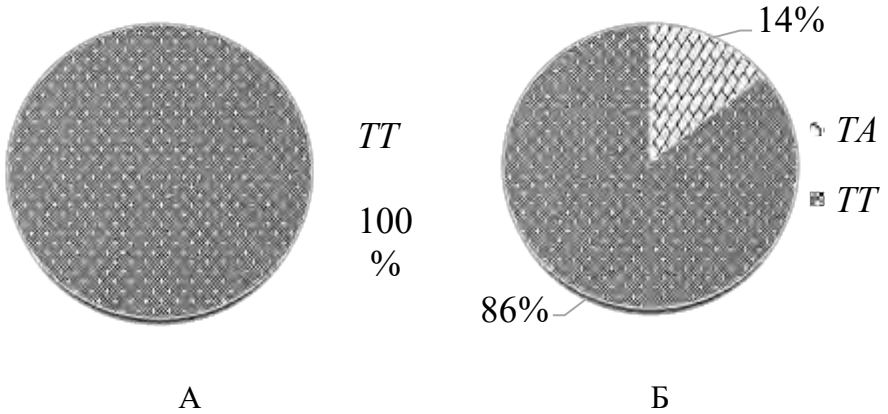


Рисунок 23 – Характеристика *SNP* №250 *MITF_SNPchr22_31769189*
А – I группа, *Б* - II группа *(% от общей численности поголовья в группе)*

Полученные данные свидетельствуют о том, что в процессе селекции этот факт не учитывался в результате произошло накопление животных с этим генетическим заболеванием. При разведении возможно потомство будет иметь, характерную гипопигментацию глаз и двустороннюю потерю слуха. Что в свою очередь повлияет на поведение животных, приспособление к жестким условиям промышленной технологии производства молока, как следствие приведет к стрессам и снижению продуктивных и воспроизводительных качеств.

Общеизвестно что животные, разводимые в южных регионах нашей страны, должны имеют масть, которая будет более приспособленная к жаркому климату и солнечной инсоляции. В связи с тем, что в изучаемых группах животные имели масть, с преобладанием белой, нами было принято решение изучить развития волосяного покрова и микроструктуры кожного покрова, в сравнительном аспекте.

Для выполнения этой задачи, из опытных групп (селекционной и производственной) нами были сформированы группы по 10 голов из телок в возрасте 10 месяца. Зимой и летом изучили показатели волосяного покрова у опытного молодняка (таблица 20).

Таблица 20 – Качество волосяного покрова по сезонам года, (X±Sx; n=10)

Группа	Показатель с 1 см^2			
	зима		лето	
	длина, мм	густота, шт.	длина, мм	густота, шт.
I	5,31±2,01	1087±28,5	3,92±1,88	608±39,6
II	5,16±1,89	1169±40,3	4,51±1,87	740±30,5

В зимний период II группа превосходила по густоте покрова группу I, имеющую наименьшую густоту волосяного покрова, на 82 штук (0,07%; P<0,099). Аналогичная картина наблюдается и летом: II группа превосходила I по густоте: на 132 штук (1,2%) (P<0,099).

Изучение структуры волосяного покрова позволило так же установить межгрупповые различия (таблица 21).

Таблица 21 – Структура и состав волосяного покрова %, (X±Sx; n=10)

Опытная группа	Показатель с 1 см^2					
	зима			лето		
	ость	переходный	пух	ость	переходный	пух
I	20,5±0,6	37,3±0,7	42,2±1,0	41,9±1,3	39,8±1,2	18,3±1,0
II	20,4±0,5	37,3±0,6	42,3±2,0	40,8±0,9	39,7±0,9	19,5±0,9

В зимний и летний периоды высокое содержание пуха (обеспечивающее хорошую тепловую изоляцию) наблюдалось у обоих групп (P<0,001).

В летний период в структуре волос содержание пуха снизилось: в II группе на 0,93 % (P<0,005). При изучении диаметра волос существенных различий не установлено: диаметр ости: 66,1 - 66,9 мкм; переходного: 43,1 44,2 мкм; пуха: 25,9-27,1 мкм (таблица 22).

Таблица 22 – Микроструктура кожи, мкм, (X±Sx; n=10)

Показатель	Группа	
	I	II
Эпидермис	35,8±2,1	40,8±1,9
Сосочковый слой	1595,5±60,3	1506,3±57,2
Сетчатый слой	4895,5±54,2	4986,0±55,2
Диаметр желез: потовых	359,2±20,5	344,2±19,2
- сальных	127,1±7,1	121,5±8,4

Гистологические исследования показали, что кожа у телок плотная. Эпидермис средней толщины. Сетчатый слой наиболее развит у II группы, превосходящей I на 0,02%. Животные I группы имели более тонкую кожу, диаметр их потовых желез превышал показатели II группы, что свидетельствует о хорошем выделении пота и терморегуляции.

Рассмотренные вопросы о развитии кожно-волосяного покрова у молодняка свидетельствует об их хорошей адаптации к жаркому климату, что будет способствовать интенсификации их продуктивности, воспроизводительной способности, долголетнему продуктивному использованию. В целях раннего поиска конкретных мутаций, приводящих к формированию белой окраски у высокопродуктивных животных, полученные нами результаты позволяют рекомендовать использовать для этого *SNP № 250, MITF_SNPchr22_31769189*.

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

В таблице 23 представлены данные по развитию изучаемого молодняка.

Таблица 23 – Развитие ремонтных телок опытных групп, (X±Sx, n=75)

Показатель	Живая масса, кг			
	при рождении	в 6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
РИТ 8,6 тыс., кг	33±2,0	179,7±16,9	298±23,2	340,3±14,0
РИТ 11,3 тыс., кг	33,8±1,8	184,2±19,6	304±32,3*	358,6±40,8
Среднее по группе, кг	33,4±1,9**	180,9±17,5	299,3±25,3	346,5±31,0

Примечание: * – 0,01 < P < 0,05; ** – 0,001 < P < 0,01. n – число голов.

Как видно из таблицы 27 во все возрастные периоды, телки II группы превышали сверстниц I группы до 2,4 %, и показатели средние по всем группам на 0,2 – 0,8 %. В тоже время телки I группы уступали средним показателям по всем группам на 0,4 – 1,2 %.

Живая масса телок с высоким родительским индексом (11,3 тыс. кг молока) превышало показатели группы с низким индексом (8,6 тыс. кг молока) 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 %).

Однако, если молодняк I группы показал плавный рост показателей на протяжении всего изучаемого периода, то во второй группе превосходство в период с 10 месяцев по 12 месяц незначительно уменьшилось (– 0,2 %), что свидетельствует о необходимости детального изучения этой динамики.

В связи с этим изучены показатели абсолютного прироста живой массы молодняка. Установлено, что живая масса II группы была выше во все возрастные периоды (таблица 24).

Таблица 24 – Абсолютный прирост живой массы телок, кг (X±Sx, n=75)

Показатель	Прирост живой массы по месяцам, кг				
	0-6	0-10	0-12	6-10	10-12
РИТ 8,6 тыс. кг	146,8	265,0	307,3	118,2	42,3
РИТ 11,3 тыс. кг	150,4	270,2	324,8	119,8	54,6
Среднее по группе, кг	147,5	265,9	313,1	118,4	47,2

Данные таблицы свидетельствуют о том, что за год выращивания ремонтных телок привесы во II группе были на 1,9 – 5, 4 % выше первой (соответственно на 3,6 – 5,2 – 17,5 кг). При этом прирост с 10 по 12 месяц выращивания был выше периода с 6 по 10 месяц выше на 10,7 кг (0,9 %). Полученная информация подтверждает активное развитие ремонтного молодняка, имеющего показатель РИТ 11,3 тыс. кг молока.

Исследования структуры *SNP DGAT1_SNPchr14_1802265* и развития молодняка в представлены в таблице 25.

Сравнительный анализ степени превосходства живой массы в опытных группах показал четкое доминирование высокопродуктивной группы, имеющий генотип *GA.* У этого поголовья, во все возрастные периоды наблюдалась увеличение живой массы над сверстницами с аналогичным генотипом *GA* соответственно на 0,3 кг (3,8 %) – 10,9 (5,8 %) – 17,2 (5,6 %) – 43,3 (11,8 %).

Таблица 25 – Развитие молодняка *SNP DGAT1_SNPchr14_1802265*, (X±Sx, n=75)

Показатель	n, голов	Живая масса, кг			
		при рождении	в 6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
в среднем по группам					
Генотип *GA*	34	34,1±1,9	182,5±17,4	302,7±24,6	355,3±37,6
Генотип *GG*	33	32,6±1,82	181,1±17,2	297,3±24,7	338,2±21,1
Генотип *AA*	8	34,1±1,36	170,9±19,6	290,6±32,0	0
I группа	43				
Генотип *GA*	14	33,9±2,0	176,1±13,5	292,6±18,8	323,5±15,9
Генотип *GG*	23	32,3±1,9	184,1±6,1	303,6±20,6	343,3±12,3
Генотип *AA*	6	31,6±1,6	175,7±22,2	291,1±36,1	0
II группа	32				
Генотип *GA*	20	34,2±1,8	187,0±18,7	309,8±26,2	366,8±36,8
Генотип *GG*	10	33,4±1,6	175,4±19,0	283,9±29,6	322,8±35,3
Генотип *AA*	2	34,5±0,7	180,0±2,83	305,0±11,3	0

Особенности физиологии крупного рогатого скота, т. к. миостатин активен в мышцах, обычно ограничивает рост мышц, гарантируя, что мышцы не становятся слишком большими. Мутации, которые уменьшают производство миостатина, приводят к чрезмерно быстрому росту мышечной ткани. Животные мутацией в обеих копиях гена *MSTN* (гомозиготы) имеют значительно

увеличенную мышечную массу и силу. *С* мутацией в одной копии гена *MSTN* (гетерозигот) также увеличена мышечная масса, но в меньшей степени.

Проведенный анализ показал необходимость изучения дополнительных *SNP*. Для этого изучили развитие молодняка в структуре *SNP MSTN_SNPchr2_6215942* (таблица 26).

Наиболее значимый эффект роста живой массы, во всех группах, установили у животных с генотипом *СС*.

Сравнение средних показателей живой массы животных с данным генотипом в каждой группе установлено превосходство популяции телок с РИТ 11,3 тыс. кг молока соответственно 1,4 кг (41 %) – 29 кг (15 %) – 7,1 кг (2,3 %) – 34,6 кг (3,3 %) (P < 0,05).

Таблица 26 – Развитие молодняка в структуре *SNP MSTN_SNPchr2_6215942* (X±Sx, n=75)

Показатель	n, голов	Живая масса, кг			
		при рождении	в 6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
I группа	43				
Генотип *СТ*	20	33,4±1,5	174,2±15,4	292,0±21,1	334,6±11,6
Генотип *СС*	21	32,9±2,4	185,5±17,1	303,5±25,0	338,0±16,1
Генотип *ТТ*	2	32,0±2,8	168,0±11,3	291,5±14,8	368,0
II группа	32				
Генотип *СТ*	13	33,8±1,6	181,7±14,5	298,5±25,9	348,8±18,4
Генотип *СС*	14	34,3±1,7	188,4±22,0	310,6±31,1	372,6±42,2
Генотип *ТТ*	5	33,6±2,0	170,6±14,5	283,0±22,0	300,5±23,3

Этот вывод полностью соответствует особенностям голштинской породы, отличающейся интенсивным ростом и высокой живой массой.

Однако основной проблемой при обобщении результатов исследования является учет признаков, т.к. нет единого мнения какой из рассмотренных маркеров является эталонным.

Наиболее эффективным, на сегодняшний день методом, многие ученые считают кластерный анализ по двум и более генетическим маркерам.

Проведенный нами анализ комбинированного сочетания генотипов *DGAT1_SNPchr14_1802265 и MSTN_SNPchr2_6215942* представлен в таблице 27.

Таблица 27 – Развитие телок в структуре двух генотипов (X±Sx, n=75)

SNP, генотипы			Живая масса, кг			
DGAT1		*MSTN*	при рождении	в 6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
I группа						
GG	*CC*	12	32,0±2,1	191,8±14,3	308,8±24,5	344,7±11,2
	CT	8	32,9±1,3	177,3±14,2	298,9±13,9	336,8±7,2
	TT	2	33,0±2,8	168,0±11,3	291,5±40,1	368,0
GA	*CT*	9	33,3±1,8	176,2±14,9	294,8±19,8	329,0±22,6
	CC	5	34,8±2,3	176,0±12,3	288,8±18,2	318,0±11,3
AA	*CT*	3	34,7±0,6	159,7±17,0	265,0±25,6	-
	CC	3	33,3±2,1	176,0±27,2	306,7±35,9	-
II группа						
GG	*CC*	5	32,8±1,8	173,6±24,4	286,2±36,0	335,5±41,7
	CT	4	34,0±1,4	181,8±11,9	289,0±22,9	336,0
GA	*CC*	9	35,1±0,9	196,7±16,5	324,2±18,6	385,0±37,6
	CT	8	33,6±1,9	182,1±17,2	301,4±28,9	352,0±19,6
	TT	3	33,0±2,6	170,7±17,0	288,7±18,5	-

В исследованиях мы установили, что для каждой из групп телок оптимальными являются различные сочетания генов-маркеров *DGAT1* и *MSTN.* Так для телок с РИТ 8,6 тыс. кг молока оптимально сочетание генотипов: *GG x CC,* а для высокопродуктивной: *GA x CC*. Превосходство II группы составило 3,1 кг (0,08 %) – 4,9 кг (2,5 %),15,4 кг (4,8 %), 40,3 кг (10,5 %) ($P < 0,05$).

Полученные данные показывают необходимость комплексного подхода к изучению SNP связанными с показателями продуктивности крупного рогатого скота.

4. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ *STR*-МАРКЕРОВ И *SNP*-ЧИПА

В таблице 28 представлен расчет экономической эффективности внедрения современных генетических исследований для голштинского скота.

Таблица 28 – Эффективность использования *STR*-маркеров и *SNP*-чипа

Показатели	РИТ телок, тыс. кг молока	
	8,6	11,3
Численность маточного поголовья, гол.	100	100
Товарность молока, %	90	90
Средняя цена реализации, руб. кг	50,0	50,0
Себестоимость молока, руб. кг	20,0	19,0
Прибыль за 1 кг молока, руб.	30,0	31,0
Рентабельность молока, %	50	63
Численность ремонтного молодняка, гол.	100	100
Реализация племенного молодняка, гол.	10	
Себестоимость 1 кг живой массы, руб.	96	
Средняя себестоимость 1 гол. (520 кг), руб.	49920	
Средняя цена реализации 1 гол. (520 кг х 250 руб.), руб.	130000	
Рентабельность выращивания молодняка, %	61	
Итого рентабельность скотоводства, %	55	62
Прибыль (молоко и продажа молодняка), тыс. руб.	105,8	115,0
Выплата субсидий на содержание маточного племенного животноводства, на 1 услов. голову, тыс. руб.	39,0	
Затраты на проведение идентификации 1 гол. с использованием панели (биочипа) «TruSeq Bovine Parentage Sequencing Panel», тыс. руб.	6,5	
В структуре субсидий, %	16,0	
Затраты в общей прибыли, %	6,1	5,7
Исследование степени родства (STR=16), тыс. руб.	2,0	
В структуре субсидий, %	5,0	
Затраты в общей прибыли, %	1,8	1,7
Исследование 1 маркера продуктивности, тыс. руб.	1,2	
В структуре субсидий, %	0,3	
Затраты в общей прибыли, %	0,01	0,01
Прирост живой массы 1 головы телок за период выращивания, при генотипе: гомозиготном (*GG x CC*)	307,3	302,7
Прирост живой массы 1 головы телок за период выращивания, при генотипе гетерогенном (GA x CC)	283,2	324,8
Себестоимость 1 ц живой массы, руб.	244,6	233,0
Рентабельность выращивания при гомозиготном генотипе (*GG x CC*), %	2,2	7,3
Рентабельность выращивания при гетерогенном генотипе (*GA x CC*), %	2,3	7,1

Проведение работы должно обеспечиваться за счет прибыли получаемой в животноводстве.

Как видно из представленных данных. в племенном хозяйстве имеется два основных вида получения прибыли в молочном скотоводстве: реализация молока и продажа племенного молодняка. В силу сложившихся тенденций в затратах на производство продукции в племенном хозяйстве, проведение генотипирования с использованием *SNP*-чипа (по 263 показателям) наиболее рентабельно применять для выделения высокопродуктивного молодняка (РИТ свыше 11,3 тыс. кг молока), т.к. для данной группы они занимают 5,7 % в структуре общей прибыли (реализация молока и продажа племенного молодняка), что на 0,4 % меньше чем для группы молодняка с РИТ более 8,6 тыс. кг молока. Вследствие большого содержания показателей эти исследования занимают до 16,0 % в структуре затрат на содержание племенного поголовья.

Принимая во внимание тот факт, что при продаже молодняка необходимо проведение исследований только на достоверности происхождения, эффективнее использовать *STR*-маркеры (*STR*=16), т.к. они составляют до 1,8 % от прибыли, получаемой в скотоводстве и 5 % от суммы субсидий, получаемых на содержание племенного поголовья.

Изучение генетического разнообразия в популяции голштинской породы может быть проведено как *STR*-маркерами, так и *SNP*-чипом.

Расчет экономической эффективности показал значительное преимущество использования множественных *SNP*-маркеров для дифференциации молодняка в высокопродуктивные группы на ранних стадиях развития. При формировании группы с РИТ 8, 6 тысяч кг молока уделять внимание молодняку, имеющему генотип по генам *DGAT1 и MSTN* (генотип *GG* х *CC*). При формировании высокопродуктивной группы ремонтных телок (РИТ свыше 11,3 тысяч кг молока) уделять внимание генотипу *GA* х *CC*. Данные генотипы 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* х *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* х *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 оптимально отбирать поголовья с генотипами *GG* х *CC* и *GA* х *CC* в генах-маркерах *DGAT1* и *MSTN*.

2. При создании высокопродуктивных популяций проводить генотипирование *STR*-методом и *SNP*-чипом, способствующим повышению рентабельность выращивания молодняка в среднем до 7,2 %.

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 ЛИТЕРАТУРЫ

1. Абугалиев, С. Анализ племенных и продуктивных признаков коров отечественных пород и пород мировой селекции, разводимых на Юго-Востоке Казахстана / С. Абугалиев, А. Шамшидин // Известия Национальной академии наук РК. Алматы, 2012. – № 2. – С. 112-114.

2. Амерханов, Х. А. Использование различных породных массивов крупного рогатого скота для производства говядины на юге России: монография / Х. А. Амерханов, И. В. Щукина, А. Г. Кощаев, С. Ю. Шуклин. – Краснодар: КубГАУ, 2017. – 321 с. ISBN 978-5-00097-252-6.

3. Баранова, Н. С. Генетические особенности селекции высокопродуктивных коров заводских семейств костромской породы / Н. С. Баранова, А. В. Баранов, И. Ю. Подречнева // Вестник АПК Верхневолжья. – 2017. – № 1 (37). – С. 36-41.

4. Воробьева, Н. В. Хозяйственно-полезные качества и генетические параметры высокопродуктивного стада ООО Племзавод «Пушкинское» Нижегородской области / Н. В. Воробьева, Т. Н. Комиссарова, А. В. Шишкин // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2016. – № 2 (34). – С. 117-122.

5. Гарковенко, А. В. Мониторинг аллельного разнообразия по основным генам наследуемых заболеваний и маркеров продуктивности голштинизированного скота / А. В. Гарковенко, А. Г. Кощаев //В сборнике: Научное обеспечение агропромышленного комплекса. Сборник статей по материалам 72-й научно-практической конференции преподавателей по итогам НИР за 2016 г. – 2017. – С. 169-170.

6. Гарковенко, А. Г. Использование инновационных технологий генетической идентификации животных в практике работы хозяйств Краснодарского края / А. В. Гарковенко, А. Г. Кощаев // В сборнике: Научное обеспечение агропромышленного комплекса. Сборник статей по материалам X Всероссийской конференции молодых ученых, посвященной 120-летию И. С. Косенко. Отв. за вып. А. Г. Кощаев. 2017. – С. 1860-1861.

7. Генезис, С. Через управление генетикой к управлению себестоимостью и качеством мяса и молока / С. Генезис // Эффективное животноводство. – 2018. – №6(145). – С. 32-33.

8. Генетический базис молочных пород США. [текст] электронный ресурс / код доступа http://mkg-nn.ru/index.php/genetika/2-uncategorised/191-geneticheskij-bazis-molochnykh-porod-krs

9. Горелик, О. В. Хозяйственно полезные качества ремонтного молодняка и коров-первотелок при разных условиях выращивания и производства молока / О. В. Горелик, П. А. Пагина // Главный зоотехник. – 2020. – №2. – С. 14-21.

10. Гудыменко, В. В. Качественная характеристика кожевенного сырья, получаемого от чистопородных и помесных бычков / В. В. Гудыменко, В. И. Гудыменко//Зоотехния. – 2014. – №5. – С. 15-17.

11. Дунин, И. М. Селекционно-технологические аспекты развития молочного скотоводства в России / И. М. Дунин, Х. А. Амерханов // Зоотехния. – 2017. – №6. – С. 2-8.

12. Ескин, Г. В. Стратегия воспроизводства в молочном скотоводстве / Г. В. Ескин, И. С. Турбина, С. В. Гуськова // Нацплемсоюз. Информационный бюллетень. – 2018. – №4. – С. 18-23.

13. Жаров, И. Н. Племенная работа в животноводстве Московской области и г. Москвы (2017г.) / И. Н. Жаров и др. – М.: ОАО «Московское» по племенной работе». – 2018. – 90 с.

14. Жигачев, А. И. О накоплении груза мутаций в породах крупного рогатого скота при интенсивных технологиях воспроизводства и улучшения по целевым признакам / А. И. Жигачев, Л. К. Эрнст, А. С. Богачев // Сельскохозяйственная биология. – 2008. – № 6. – С. 25-32.

15. Звезды Подмосковья-2019» и аукцион «Премиум». Новый шаг в развитии племенного животноводства. [текст] электронный ресурс / код доступа:https://www.mos-bulls.ru/features/drugie-novosti/198-zvezdy-

podmoskovya-2019-i-auktsion-premium-novyj-shag-v-razvitii-plemennogo-zhivotnovodstva).

16. Загидуллин, Л. Р. Полиморфизм генов каппа-казеина и диацилглицерол о-ацилтрансферазы у черно-пестрого скота / Л. Р. Загидуллин, Р. Р. Шайдуллин, Т. М. Ахметов, С. В. Тюлькин // Молочнохозяйственный вестник. – 2020. – №1(37). – С. 24-34.

17. Зиннатова, Ф. Ф. Анализ родительского индекса ремонтных-бычков и генотипирование их по генам каппа казеина (*CSN3*), жирномолочности (DGAT) и BLAD / Ф. Ф. Зиннатова, А. М. Алимов // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2011. – Т. 206. – С. 81-85.

18. Зиновьева, Н. А. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа *SNP* / Н. А. Зиновьева, А. В. Донцев, А. А. Сермягин, К. Виммерс, Х. Рейдер, Й. Солкнерз, Т. Е. Денискова, Г. Брем // Сельскохозяйственная биология. – 2016. –том 51, ¹6, – С. 788-800.

19. Иванова, И. П. Особенности формирования селекционной группы коров / И. П. Иванова, И. В. Троценко, С. В. Борисенко // Вестник Красноярского государственного аграрного университета. – 2018. – №2(137). – С. 45-51.

20. Иванова, И. П. Оптимальные экстерьерные характеристики для отбора коров в селекционную группу / И. П. Иванова, И. В. Троценко// Известия Горского государственного аграрного университета. – 2021. – Т. 58. – № 1. – С. 72-77.

21. Кадиев, А. К. Генетический мониторинг полиморфизма белков крови и молока крупного рогатого скота и использование его в селекции Диссертация по ВАК 06.02.07, доктор биологических наук Кадиев, А. К. – 2013 – 356 с. [текст] электронный ресурс / код доступа: http://www.dissercat.com/content/geneticheskii-monitoring-polimorfizma-belkov-krovi-i-moloka-krupnogo-rogatogo-skota-i-ispolz#ixzz5CASw3Y2Q

22. Казаровец, Н. В. Мониторинг производственного использования коров в условиях дойных стад с высокопродуктивным маточным поголовьем / Н. В. Казаровец, Т. В. Павлова, К. А. Моисеев // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук. – 2019. – Т. 57. – №2. – С. 204-215.

23. Камакин В. В., Маклаков В. В. Симилярные функции в задачах управления состоянием биологических объектов [Электронный ресурс]: электрон. данные. – Москва: Научная цифровая библиотека PORTALUS.RU, 09 сентября 2015. [текст] электронный ресурс / код доступа:: https://portalus.ru/modules/biology/rus_readme.php?subaction=showfull&id=1441796732&archive=&start_from=&ucat=& (свободный доступ). – Дата доступа: 16.02.2021.

24. Каталог быков-производителей молочных и молочно-мясных пород, оцененных по качеству потомства на 01.01.2017-2020 гг. – [текст] электронный ресурс / код доступа: https://www.vniiplem.com/katalog. (свободный доступ). – Дата доступа: 16.02.2021.

25. Китаёв, Ю. А. Тенденции развития молочного скотоводства в России / Ю.А Китаёв // Вестник Воронежского государственного аграрного университета. – 2020. – Т. 13. – № 3 (66). – С. 182-187.

26. Ковалева, Г. П. Результаты использования сексированного и традиционного семени на ремонтных телках черно-пестрой породы / Г. П. Ковалева, Г. Т. Бобрышова, М. Н. Лапина, В. А. Витол, Н. В. Сулыга // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2018. – Т. 55. – №2. – С. 67-70.

27. Кононов, В. П. Проблема совместимости высокой молочной продуктивности, воспроизводительной способности и продуктивной жизни коров в современном скотоводстве / В. П. Кононов // Farm Animals. – 2013. – №1. – С.40-47.

28. Кононова, Л. В. Сравнительный анализ полиморфизм локуса лептина в популяциях крупного рогатого скота красной степной и швицкой пород

/ Л. В. Кононова, Г. Н. Шарко, Е. В. Мачульская // Эффективное животноводство. – 2018. – № 5 (144). – С. 52-54.

29. Коробков, Е. В Современные тенденции и перспективы производства молока в мире. / Е. В. Коробков, А. А. Новикова, М. А. Шкуратова // В сборнике: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА ИННОВАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В АПК материалы национальной научно-практической конференции. Воронеж, 2021. – С. 249-257.

30. Котенева, С. В. Частота выявления генома вируса инфекционного ринотрахеита у крупного рогатого скота при патологии воспроизводства в хозяйствах молочного направления / С. В. Котенева, О. В. Семенова, Т. И. Глотова, А. Г. Кощаев, И. А. Родин, А. Г. Глотов // Ветеринария Кубани. – 2017. – №5. – С. 8-11.

31. Коханов, М. А. Эффективность использования в стаде племзавода «Орошаемое» потомков высокопродуктивных коров / М. А. Коханов, А. П. Коханов // Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование. – 2014. – №4(36). – С. 133-137.

32. Кощаев, А. Г. Зоотехнические особенности ремонтного молодняка крупного рогатого скота в Краснодарском крае / А. Г. Кощаев, И. В. Щукина // Ученые записки учреждения образования "Витебская ордена "Знак почета" государственная академия ветеринарной медицины". – 2017. – Т.53. – №1. – С. 227-231.

33. Крысова, Е. В. Подбор быков-производителей с использованием оценки по типу телосложения первотелок / Е. В. Крысова // Эффективное животноводство. – 2018. – №5. – С. 28-29.

34. Кузнецов, А. В. Практика применения понятийного аппарата теории породообразования / А. В. Кузнецов // Нацплемсоюз. -Информационный бюллетень. – 2019. – №5. – С. 14-21.

35. Кузнецов, В. М. *F*-статистика Райта: оценка и интерпретация / В. М. Кузнецов// Проблемы биологии продуктивных животных. – 2014. – №4. – С. 80-104.

36. Кудинов, А. А. Генетический прогресс ключевой аспект совершенствования молочного животноводства развитых стран / А. А. Кудинов, Е. С. Масленникова, К. В. Племяшов// Зоотехния. – 2019. – №1. – С. 2-6.

37. Кудинов, А. А. Полногеномный анализ межстадной *Fst*-гетерогенности голштинизированного скота/ М. Г. Смарагдов, Е. И. Сакса, А. А. Кудинов, Н. В. Дементьева, О. В. Митрофанова, К. В. Плямяшов // Генетика. – 2016. – №52(2). – С. 1-8.

38. Лешонок, О. И. Селекционно-генетические параметры высокопродуктивных животных в племенных стадах Свердловской области / О. И. Лешонок // Вопросы нормативно-правового регулирования в ветеринарии. – 2018. – № 4. – С. 243-247.

39. Лихоман, А. В. Показатели воспроизводства в стаде молочного скота АО Агрообъединения «Кубань» / А. В. Лихоман, В. В. Усенко, Н. С. Комарова, О. В. Кощаева, И. В. Щукина // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2016. – №122. – С. 1126-163.

40. Лоретц, О. Г. Влияние генетических и экологических факторов на продуктивное долголетие / О. Г. Лоретц // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 9 (127). – С. 34-37.

41. Лоретц, О. Г. Молочная продуктивность и технологические свойства молока различных генотипов по каппа-казеину / О. Г. Лорентц // Ветеринария Кубани. – 2014. – №4 – С.18-20.

42. Лоскутов, С. И. Создание репрезентативной выборки коров в Ленинградской области с использованием метода главных компонент/ С. И. Лоскутов, М. Г. Смарагдов, А. А. Кудинов// Теоретические и прикладные аспекты современной науки. – 2015. – № 7-1. – С. 130-134.

43. Маринченко, Т. Е., Молочное скотоводство в мировой практике. / Т. Е. Маринченко, А. П. Королькова, А. В. Горячева // Матер. XI Междунар.

науч.-практической интернет-конференции «Научно-информационное обеспечение инновационного развития АПК» – М.: ФГБНУ «Росинформагротех». – 2019. – С. 40-48.

44. Матюков, В. С. Генетическая история генофонда исчезающей холмогорской породы / В. С. Матюков, Я. А. Жариков, Н. А. Зиновьева // Молочное и мясное скотоводство. – 2018. – № 2. – С. 2-7.

45. Меркурьева, Е. К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. – М.: Колос, 1970. – С. 393-400.

46. Мищенко, В. А. Проблема лейкоза крупного рогатого скота / В. А. Мищенко, О. Н. Петрова, А. К. Караулов, А. В. Мищенко. – Владимир. Федеральный центр охраны здоровья животных, 2018. – 38 с.

47. Михайлова, И. Ю. Влияние генетических факторов на продуктивность коров и качество молока / И. Ю. Михайлова, Е. Г. Лазарева, Х.Х Гильманов, С. В. Тюлькин // Пищевая промышленность. – 2021. – №1. – С. 36-40.

48. Мониторинг генетического разнообразия в современном животноводстве: монография / А. Г. Кощаев, И. В. Щукина [и др.] – Краснодар : КубГАУ, 2016. – 126 с. ISBN 978-5-00097-192-5.

49. Нартикоева, Л. Г. Применение выборочного метода в анализе конкурентоспособности товаропроизводителей молока / Л. Г. Нартикоева, С. А. Кочисов / В сборнике: Достижения науки - сельскому хозяйству Материалы Всероссийской научно-практической конференции (заочной). – 2017. – С. 194-197.

50. Научное обоснование инновационных технологий производства говядины на юге России: монография / Х. А. Амерханов, И. М. Дунин, И. В. Щукина, А. Г. Кощаев, С. Ю. Шуклин. – Краснодар: КубГАУ, 2019. – 472 с. ISBN 978-5-907247-19-2.

51. Некрасов, Р. В. Проблемы реализации потенциала продуктивности молочного скота / Р. В. Некрасов, А. С. Аникин, В. М. Дуборезов, М. Г. Чабаев, А. А. Зеленченкова, А. А. Сермягин // Зоотехния. – 2017. – №3. – С. 7-12.

52. Николаев, С. В. Генетическая характеристика печорского типа холмогорского скота по микросателлитным ДНК-маркерам / С. В. Николаев // Генетика и разведение животных. – 2020. – №4. – С. 61-66.

53. Организация региональной лаборатории иммуногенетической и молекулярно-генетической экспертизы в скотоводстве, свиноводстве) с использованием различных методов генетических исследований (на выявление конкретных заболеваний, улучшение определенных продуктивных качеств): метод. рекомендации / А. Г. Кощаев, И. В. Щукина и [др.]. – Краснодар: КубГАУ, 2017. – 67 с.

54. Панин, В. А. Качество шкур симментальского и голштин х симментальского скота в условиях Южного Урала / В. А. Панин // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2015. – № 6 (56), ч. 2. – С. 150-151

55. Передовые практики в отечественном племенном животноводстве: научно аналитический обзор / В. Ф. Федоренко, Н. П. Мишуров, Т. Н. Кузьмина, А. И. Тихомиров, С. В. Гуськова, И. Ю. Свинарев, В. А. Бекенёв, Ю. А. Колосов, В. И. Фролова, И. В. Большакова – М: ФГБНУ «Росинформагротех», 2018. – С. 23-31. ISBN 978-5-7367-1442-1

56. Перчун, А.В. Генетическая характеристика генеалогической структуры крупного рогатого скота по генам молочной и мясной продуктивности / А. В. Перчун, И. В. Лазебная, С. Г. Белокуров// Материалы 65-й международной научно-практической конференции «Актуальные проблемы науки в АПК». – Кострома, 2014. – Том 1 – С. 125-130.

Племяшов, К. В. Геномная оценка племенных быков / К. В. Племяшов, М.Г. Смарагдов, М.Н. Романов// В сборнике: Материалы 3-й Международной научно-практической конференции «Молекулярно-генетические технологии анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных». Под общей редакцией С. В. Позябина, И. И. Кочиша, М. Н. Романова; Министерство сельского хозяйства Российской Федерации; Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования

«Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии - МВА имени К.И. Скрябина». Москва, 2021. – С. 363-367.

57. Погребняк, В. А. Применение результатов диагностики генетического полиморфизма β и κ-казеинов / В. А. Погребняк, А. В. Колбас, Н. А. Морковина // Молочное и мясное скотоводство – 2019. – №5. – С. 18-22.

58. Подречнева, И. Ю. Методы селекции коров-рекордисток костромской породы / И. Ю. Подречнева // Новое слово в науке и практике: гипотезы и апробация результатов исследований. – 2016. – № 25. – С. 64-69.

59. Попов, Н. А. Аллелофонд голштинской породы и его использование для совершенствования молочности крупного рогатого скота Российской Федерации / Н. А. Попов, Л. К. Марзанова, А. А. Некрасова, Е. Г. Федотов // Молочное и мясное скотоводство. – 2018. – №4. – С. 14-20.

60. Попов, Н. А. Генетический мониторинг крупного рогатого скота черно-пестрой породы / Н. А. Попов, Л. К. Марзанова // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – №4. – С. 9-13.

61. Приказ Министерства сельского хозяйства РФ от 16 февраля 2016 г. N 56 "О внесении изменений в Правила в области племенного животноводства "Виды организаций, осуществляющих деятельность в области племенного животноводства", утвержденные приказом Минсельхоза России от 17 ноября 2011 г. N 431" [текст] электронный ресурс / код доступа: http://ivo.garant.ru/#/document/71364532/paragraph/1:0

62. Приказ Минсельхоза РФ от 28.10.2010 N 379 "Об утверждении порядка и условий проведения бонитировки племенного крупного рогатого скота молочного и молочно-мясного направлений продуктивности" [текст] электронный ресурс / код доступа https://normativ.kontur.ru/document?moduleId=1&documentId=168882

63. Приоритетные направления повышения эффективности молочного скотоводства / М. И. Селионова, Г. Т. Бобрышова, Д. И. Грицай, Е. И. Капустина // В сборнике: АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКОГО ПРОГРЕССА В АПК. Сборник научных статей по материалам XV

Международной научно-практической конференции, посвященной памяти профессора О. Г. Ангилеева в рамках XXI Международной агропромышленной выставки «Агроуниверсал-2019». – Ставрополь: Агрус, 2019. – С. 86-91.

64. Прищеп, Е. А. Результаты использования племенных производителей в КП «Рыбковское» Смоленской области / Е. А. Прищеп, Д. Н. Кольцов, Д. В. Леутина, А. С. Герасимова // Международный научно-исследовательский журнал. – 2019. – №2(80). – С. 96-99.

65. Продуктивное долголетие крупного рогатого скота молочных пород. Аналитический обзор / Н. И. Стрекозов, Н. В. Сивкин, В. И. Сельцов [и др.]. - М.: Дубровицы; ГНУ ВИЖ Россельхозакадемии, 2012. – 72 с.

66. Прожерин, В. П. Аллелофонд архангельской популяции холмогорского скота / В. П. Прожерин, В. Л. Ялуга, И. В. Селькова, Л. И. Степанова // Эффективное животноводство. – 2018. – № 5. – С. 26-27.

67. Резолюция третьей конференции «Информационные технологии на службе агропромышленного комплекса России». Москва, 10-11 июня, 2019. – [текст] электронный ресурс / код доступа: http://итапк.рф/programma

68. Разработка системы аллель-специфичной ПЦР для генотипирования крупного рогатого скота по аллелям А и В гена PRL / П. В. Бушмелева, Н. А. Донченко, В. Н. Афонюшкин, Т. С. Хорошилова / В сборнике: Актуальные проблемы сельского хозяйства горных территорий. Материалы VII-й Международной научно-практической конференции, посвященной 70-летию Горно-Алтайского государственного университета. – 2019. – С. 140–142.

69. Романенкова, О. С. Изучение генетических особенностей КРС швицкой породы по STR - маркерам / О. С. Романенкова, В. В. Волкова, А. А. Зимина // Аграрный научный журнал. – 2021. – № 2. – С. 58-63.

70. Ротарь, Л. Н. Оценка коров гоштинизированной черно-пестрой породы по полиморфизму гена *FSHR*/ Л. Н. Ротарь, М.В. Позднякова // Международный вестник ветеринарию – 2019. -№2. - С.161-165.

71. Сайфиев, А. А. Методика выявления наследственных заболеваний / А. А. Сайфиев // Поволжье Агро. – 2018. – №12 (107). – С. 12.

72. Сакса, И. Эффективность использования быков, оцененных разными методами, при совершенствовании высокопродуктивных стад / И. Сакса // Молочное и мясное скотоводство. – 2018. – №1. – С.5-8.

73. Сатыгул, С. Ш. К вопросу оценки племенной ценности животных в странах с высокоразвитым молочным скотоводством / С. Ш. Сатыгул, К. И. Исабеков, А. К. Сагинбаев, Ж. Т. Амантай / Аналитический обзор. Астана, 2009. – 64 с.

74. Сафина, Н. Ю. Влияние комплексных генотипов генов каппа-казеинов (*CSN3*) и бета-лактоглобилин(*LGB*) на молочную продуктивность голштинского скота / Н. Ю. Сафина, Э. Р. Гайнутдинова, Ф. Ф. Зиннатова, Ш. К. Шакиров, Г. С. Шарафутдинов // Аграрный научный журнал. – 2020. – № 5. – С. 64-67.

75. Система комплексной оценки селекционной перспективности племенных стад и их генетического благополучия на основе ДНК-диагностики: метод. рекомендации / сост. Л.Н. Чижова, М.И. Селионова, и [др.]. – Ставрополь: ООО фирма "Ставрополь-сервис-школа", 2020. – 97 с.

76. Смарагдов, М. Г. Тотальная геномная селекция с помощью *SNP* как возможный ускоритель традиционной селекции/ М. Г. Смарагдов / Генетика. – 2009. – том 45. – №6. – С.725-728.

77. Селионова, М. И. Оценка полиморфизма гена пролактина у коров молочных пород / М. И. Селионова, Л. В. Кононова, О. В. Сычева // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – том 101. – №1. – С. 27-33.

78. Седых, Т. А. Использование полиморфизма микросателлитных локусов крупного рогатого скота для оценки общности происхождения / В. В. Волкова, Т. А. Седых// Материалы за 10-а Международная научна-практическая конференция «Ноьвинки на научна прогресс». – София: БялГРАД БГ, 2014. – Т.3. – С. 22-27.

79. Стефенс, К. М. Способы и композиции для ДНК-профилирования / Кэтрин М. Стефенс, С. Холт, К. Дэвис, А. Ягер, П. Валихевич, Й. Хан, Д.

Сильва, М.-Ц. Шэнь, С. Амини, Ф. Стимерс// Патент на изобретение RU2708337, 05.12.2019. Заявка №2016133987 от13.02.2015.

80. Стрекозов, Н. И. Оценка быков по качеству потомства и геному – основа успеха разведения пород молочного скота / Н. И. Стрекозов // Молочное и мясное скотоводство. – 2018 – №6. – С. 10-12.

81. Танана, Л. А. Использование ДНК-тестирования по гену CSN3 в селекции молочного крупного рогатого скота: Монография / Л. А. Танана и др. – Гродно : ГГАУ, 2014. – 193 с. – ISBN 978-985-537-055-1

82. Татаркина, Н. И. Высокопродуктивные коровы – резерв повышения продуктивности крупного рогатого скота / Н. И. Татаркина // Мир Инноваций. – 2017. – №1. – С. 94-98.

83. Тяпугин, Е. А. Селекция крупного рогатого скота на современных комплексах с инновационными технологиями доения/ Е. А. Тяпугин, С. Е. Тяпугин, О. Н. Бургомистрова, О. Л. Хромова// М.: Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук, 2014. – №6. – С. 28-45.

84. Тузов, И. Н. Улучшение генетического потенциала черно-пестрой породы скота на Кубани / И. Н. Тузов, С. А. Тузова // В книге: Институциональные преобразования АПК России в условиях глобальных вызовов. Сборник тезисов по материалам III Международной конференции. Отв. за выпуск А.Г. Кощаев. 2019. – С. 94.

85. Улимбашев, М. Б. Адаптационные способности голштинского скота в новых условиях обитания / М. Б. Улимбашев, Ж. Т. Алагирова // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – Т. 51. – №2. – С. 247-254.

86. Усенко, В. В. Обоснование генетических исследований для прогнозирования потери поголовья коров в переходный период / В. В. Усенко, Л. Д. Яровая, А. В. Лихоман, Н. С. Комарова, А. Г. Кощаев // Ветеринария Кубани. – 2016. – №3. – С. 12-14.

87. Федеральная научно-техническая программа развития сельского хозяйства на 2017–2025 годы. [текст] электронный ресурс / код доступа: http://mcx.ru/upload/iblock/1e9/1e97bd2630e613804cf5ef016063bd60.pdf

88. Формирование высокопродуктивных генетических ресурсов в скотоводстве и свиноводстве на различных уровнях (региональный и сельхозтоваропроизводители) на примере хозяйств Краснодарского края: Метод. рекомендации / сост. А. Г. Кощаев, И. В. Щукина, и [др.]. – Краснодар: КубГАУ, 2017. – 77 с.

89. Холодова, Л. В. Комплексная оценка быков-производителей в ОАО «Марийское» по племенной работе / Л. В. Холодова, К. С. Новоселова // Вестник Марийского государственного университета. – 2016. – Т.2 – №1(5). – С. 66-70.

90. Холодова, Л. В. Влияние генотипа на молочную продуктивность коров / Л. В. Холодова, Н. Э. Секретова, Д. О. Тюлькин, М. А. Смирнова // Актуальные вопросы совершенствования технологии производства и переработки продукции сельского хозяйства. – 2019. – №21. – С. 332-335.

91. Черепанов, Г. Г. Анализ возможных подходов для преодоления антагонизма между уровнем продуктивности и жизнеспособностью маточного поголовья при использовании интенсивных технологий / Г. Г. Черепанов, Е. Л. Харитонов, З. Н. Макар, А. И. Михальский, Ж. А. Новосельцева / Проблемы биологии продуктивных животных. – 2017. – № 1. – С. 5-27.

92. Черечеча, А. А. Содержание и использование племенных коров голштинской породы в условиях интенсивной технологии / А. А. Черечеча, Н. И. Куликова, К. Нимбона // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. Краснодар. – 2020. – №155. – С. 178-193.

93. Чесноков, Ю. В. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия / Ю. В. Чесноков, А. М. Артемьева // Сельскохозяйственная биология. – 2015. – том 50. – №5. – с. 571-578.

94. Чинаров, В. И. Экономическая оценка генетических ресурсов молочного скотоводства России / В. И. Чинаров // Вестник Всероссийского

научно-исследовательского института механизации животноводства. – 2019. – № 2 (34). – С. 129-133.

95. Шамшидин, А. С. Сравнительный анализ признаков отбора молочного скота разных регионов Казахстана / А. С. Шамшидин, А. С. Алентаев, С. К. Абдугалиев, А. Т. Абылгазинова, Г. В. Родионов / В сборнике: Современные технологии в животноводстве: проблемы и пути их решения. Материалы Международной научно-практической конференции. Под общей редакцией В.А. Солопова. 2017. – С. 219-228.

96. Шарко, И Н. Характеристика бычков казахской белоголовой породы разводимых в КПЗ имени Ленина Ставропольского края / И. Н. Шарко, О. И. Абрамова, С. Ф Силкина // В сборнике: ТРАДИЦИОННАЯ И ИННОВАЦИОННАЯ НАУКА: ИСТОРИЯ, СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ, ПЕРСПЕКТИВЫ сборник статей Международной научно-практической конференции: в 5 частях. – 2018. – С. 57-62.

97. Шеметюк, А. С. АО «Головной центр по воспроизводству с.-х. животных. История и современное состояние / С. А. Шеметюк, И. С. Турбина, И. С. Гуськова, Н А. Комбарова // Нацплемсоюз. Информационный бюллетень, Москва. 2019. – №5. – С. 3-13.

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

99. Щербакова, Н. А. Направление хозяйства и основные производственные показатели по скотоводству / Н. А. Щербакова, Ю. В. Аржанкова, А. Ю. Козловская, О. С. Дмитриева, С. Ю. Николаева // Norwegian Journal of Development of the International Science. – 2020. – №39-2. – С. 60-63.

100. Электронная база быков-производителей Российской Федерации по голштинской породе. [текст] электронный ресурс / код доступа: http://вниплем.рф/rus/files/Database/Bulls/2017/all_bulls.pdf.

101. Эрнст, Л. К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке / Л. К. Эрнст, Н. А. Зиновьева // М.: РАСХН. – 2008. – 508 с.

102. Юдин, Н. С. Выявление генов, вовлеченных в контроль белой окраски головы, у восьми российских пород крупного рогатого скота // Н. С. Юдин, Н. М. Белоногова, Д. М. Ларкин // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – №22(2) – С. 217-223.

103. Янчуков, И. Н. К вопросу об импортозамещения в племенном молочном скотоводстве / И. Н. Янчуков, А. Н. Ермилов, А. А. Ермилов // Нацплемсоюз. Информационный бюллетень. – 2018. – №4. – С. 31-34.

104. Шаталина, О. С. Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота по микросателлитным локусам / О. С. Шаталина, И. В. Ткаченко, А. А. Ярышкина. – Генетика. – 2021. – Т. 57. – №2. – С. 205–213.

105. Шевцова, А. А. Обзор вариабельности генов, связанных с молочной продуктивностью крупного рогатого скота / А. А. Шевцова, Е. А. Климов, С. Н. Ковальчук //Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2018. – № 11 (часть 1) – С. 194-200. [текст] электронный ресурс / код доступа: URL: https://applied-research.ru/ru/article/view?id=12475 (дата обращения: 09.04.2021).

106. Shevtsova, A. A. Review of genes variability associated with milk productivity of dairy cattle/ A. A. Shevtsova, E. Klimov, S. Kovalchuk // International Journal of Applied and Fundamental Research (Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований) – 2018/01/01. – SP 194 – 200. DO – 10.17513/mjpfi.12475

107. Allelic variation of marker genes of hereditary diseases and economically important traits in dairy breeding cattle population A. G. / Koshchaev, I. V. Shchukina, A. V. Garkovenko, E. V. Ilnitskaya, V. V. Radchenko [и др.].// Journal of Pharmaceutical Sciences and Research. – 2018. – Т. 10. – №6. – С. 1566-1572.

108. Analysis of polymorphisms in the FUT1 and TAP1 genes and their influence on immune performance in Pudong White pigs / Y. Zhang [et al.] // Genet Mol Res. – 2015. – Vol. 14 (4). – P. 193-203.

109. Association of CAPN1 316, CAPN1 4751 and TG5 markers with bovine meat quality traits in Mexico / C. A. Bonilla, M. S. Rubio, A. M. Sifuentes, G. M. Parra-Bracamonte, V. W. Arellano, M. R. D. Mendez, J. M. Berruecos, R. Ortiz // Gen. Mol. Res. – 2010. – № 9. – P. 2395-2405.

110. Assessment on milk productivity and milk quality in cattle with different genotypes BY HSP70.1 gene / I. O. Efimova, L. R. Zagidullin, R. R. Khisamov, T. M. Akhmetov, R. R. Shaidullin, S. V. Tyulkin, K. K. Gilmanov // В сборнике: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. Сер. "International Agro-Science Conference, AgroScience 2020" – 2020. – С. 012-016.

111. Chen, Zh. Large offspring syndrome A bovine model for the human loss-of-imprinting overgrowth syndrome Beckwith-Wiedemann/ Zh. Chen, K. M. Robbins, K. D. Wells, R. M. Rivera // Epigenetics. – 2013. – № 8 (6). – Pp. 591-601.

112. Decker, J. E. Origins of cattle on Chirikof Island, Alaska, elucidated from genome-wide SNP genotypes / J. E. Decker, J. F Taylor, A. Millbrooke [текст] электронный ресурс / код доступа https://www.researchgate.net/publication/293826170_Origins_of_cattle_on_Chirikof_Island_Alaska_elucidated_from_genome-wide_SNP_genotypes Article (PDF Available) *in* Heredity – 116(6)·February – 2016 *with* 69 – Reads DOI: 10.1038/hdy.2016.7

113. Donnik, I. M. Productivity and health markers for large cattle / I. M. Donnik, A. S. Krivonogova, A. G. Isaeva, A. G. Koshchaev, O. P. Neverova, O. A. Bykova // International Journal of Green Pharmacy. – 2017. – T. 11. – №S3. – S.620-625.

114. Helyar, S. J. Application of SNPs for population genetics of nonmodel organisms: new opportunities and challenges / S. J. Helyar, J. Hemmer-Hansen, D. Bekkevold, M. I. Taylor, R. Ogden, M. T. Limborg, A. Cariani, G. E. Maes, E. Diopere, G. R. Carvalho, E.E. Nielsen // Molecular Ecology Resources. – 2011. – 11(Suppl. 1). P. 123-136 (doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02943.x).

115. Guichoux, E. Current trends in microsatellite genotyping / E. Guichoux, L. Lagache, S. Wagner, P. Chaumell, P. Leger, O. Lepais, C. Lepoittevin, T. Malausa, E. Revardel, F. Salin, R.J. Petit // Molecular Ecology Resources. 2011. – V.11. – P. 591-611.

116. Hirano, T. Identification of an FBN1 mutation in bovine Marfan syndrome-like disease/ T. Hirano, T. Matsuhashi, N. Kobayashi, T. Watanabe, Y. Sugimoto // Animal genetics. – 2012. – T. 43. – №1. – S.11-17.

117. Kataria, R. S., Association of toll-like receptor four single nucleotide polymorphisms with incidence of infectious bovine keratoconjunctivitis (IBK) in cattle / R. S. Kataria, R. G. Tait, J. R. Kumar, D. Ortega, M. A. Rodiguez, J. Reecy, // Immunogenetics. – 2011. – №63. – S.115-119.

118. Koshchaev, A. G. Peculiarities of formation of the charolais cattle gene pool in the South of Russia / A. G. Koshchaev, I. V. Shchukina, O. V. Koshchaeva // Advances in Agricultural and Biological Sciences. – 2016. –V.2. – №3. – P. 23-32.

119. Liu, L. Genome scan for the degree of white spotting in dairy cattle / L. Liu, B. Harris, M. Keehan, Y. Zhang // Anim Genet. 2009;40:975-977. DOI 10.1111/j.1365-2052.2009.01936.x.

120. Magee, D. A. et al. DNA sequence polymorphisms in a panel of eight candidate bovine imprinted genes and their association with performance traits in Irish Holstein-Friesian cattle. BioMed Central Genetics, 2010. [текст] электронный ресурс / код доступа -URL: https://bmcgenet.biomedcentral.eom/articles/l 0.1186/1471 -2156-11 -93https://bmcgenet.biomedcentral. com/articles/10.1186/1471 -2156-11 -93/ Дата обращения: 01.08.2018.

121. Nimbona, C. The results of the embryo transfer to heifers from the Ayrshire breed / C. Nimbona, N. I. Kulikova, J. Butore, M. Ntunzwenimana // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. – 2019. – Т 14. – №1. – С. 66-72.

122. Polymorphism of cattle microsatellite complexes / A. V. Garkovenko, V. V. Radchenko, E. V. Ilnitskaya, A. G. Koshchaev, I. V. Shchukina [и др.]. // Journal of Pharmaceutical Sciences and Research. – 2018. – Т. 10. – № 6. – С. 1545-1551.

Приложение 1

Структура *SNP* достоверности происхождения II опытной группы телок, n_{SNP} =200

SNP	Показатель					
	генотип 1		частота встреча-емости, %	генотип 2		частота встреча-емости, %
1	2	3	4	5	6	7
ARS-BFGL-BAC-19454	*C*	*C*	20,0	*T*	*T*	14,3
ARS-BFGL-BAC-27364	*T*	*T*	11,4	*G*	*G*	25,7
ARS-BFGL-BAC-35552	*C*	*C*	22,9	*T*	*T*	20,0
ARS-BFGL-NGS-10035	*G*	*G*	34,3	*A*	*A*	14,3
ARS-BFGL-NGS-101456	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	20,0
ARS-BFGL-NGS-102169	*A*	*A*	11,4	*C*	*C*	37,1
ARS-BFGL-NGS-106015	*A*	*A*	31,4	*G*	*G*	20,0
ARS-BFGL-NGS-111053	*C*	*C*	34,3	*T*	*T*	8,6
ARS-BFGL-NGS-111076	*T*	*T*	37,1	*C*	*C*	14,3
ARS-BFGL-NGS-112094	*T*	*T*	14,3	*C*	*C*	40,0
ARS-BFGL-NGS-112325	*C*	*C*	25,7	*T*	*T*	17,1
ARS-BFGL-NGS-11383	*A*	*A*	48,6	*G*	*G*	2,9
ARS-BFGL-NGS-114006	*C*	*C*	17,1	*T*	*T*	25,7
ARS-BFGL-NGS-115514	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	11,4
ARS-BFGL-NGS-117319	*T*	*T*	34,3	*C*	*C*	11,4
ARS-BFGL-NGS-117322	*A*	*A*	34,3	*G*	*G*	20,0
ARS-BFGL-NGS-118319	*G*	*G*	62,9	*T*	*T*	5,7
ARS-BFGL-NGS-118340	*C*	*C*	28,6	*A*	*A*	31,4
ARS-BFGL-NGS-119662	*C*	*C*	57,1	*T*	*T*	8,6
ARS-BFGL-NGS-14740	*C*	*C*	17,1	*T*	*T*	31,4
ARS-BFGL-NGS-15506	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	14,3
ARS-BFGL-NGS-15731	*A*	*A*	45,7	*G*	*G*	14,3
ARS-BFGL-NGS-24419	*T*	*T*	20,0	*C*	*C*	31,4
ARS-BFGL-NGS-26517	*G*	*G*	25,7	*A*	*A*	31,4
ARS-BFGL-NGS-27577	*A*	*A*	17,1	*G*	*G*	28,6
ARS-BFGL-NGS-31640	*C*	*C*	34,3	*T*	*T*	8,6
ARS-BFGL-NGS-31807	*A*	*A*	31,4	*G*	*G*	25,7
ARS-BFGL-NGS-36513	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	5,7
ARS-BFGL-NGS-38423	*A*	*A*	8,6	*G*	*G*	45,7
ARS-BFGL-NGS-38620	*C*	*C*	31,4	*T*	*T*	11,4
ARS-BFGL-NGS-42283	*G*	*G*	31,4	*A*	*A*	8,6
ARS-BFGL-NGS-42505	*C*	*C*	31,4	*T*	*T*	17,1
ARS-BFGL-NGS-55943	*C*	*C*	28,6	*T*	*T*	20,0
ARS-BFGL-NGS-57711	*T*	*T*	45,7	*C*	*C*	17,1
ARS-BFGL-NGS-58613	*C*	*C*	40,0	*T*	*T*	8,6
ARS-BFGL-NGS-67146	*A*	*A*	20,0	*G*	*G*	11,4
ARS-BFGL-NGS-70946	*T*	*T*	8,6	*G*	*G*	25,7
ARS-BFGL-NGS-76191	*C*	*C*	22,9	*T*	*T*	20,0
ARS-BFGL-NGS-76330	*G*	*G*	45,7	*A*	*A*	5,7
ARS-BFGL-NGS-86662	*G*	*G*	25,7	*T*	*T*	2,9
ARS-BFGL-NGS-93119	*A*	*A*	22,9	*G*	*G*	22,9

продолжение приложения 1

1	2	3	4	5	6	7
ARS-BFGL-NGS-96125	*C*	*C*	42,9	-	-	-
ARS-USMARC-569	*C*	*C*	25,7	*T*	*T*	20,0
ARS-USMARC-Parent-AY761135rs29003723	*T*	*T*	14,3	*A*	*A*	28,6
ARS-USMARC-Parent-AY841151rs29003466	*G*	*G*	25,7	*T*	*T*	40,0
ARS-USMARC-Parent-AY842472rs29001941	*C*	*C*	37,1	*G*	*G*	17,1
ARS-USMARC-Parent-AY842473rs29001956	*C*	*C*	48,6	*T*	*T*	-
ARS-USMARC-Parent-AY842474rs29003226	*C*	*C*	8,6	*G*	*G*	48,6
ARS-USMARC-Parent-AY842475rs29002127	*C*	*C*	14,3	*T*	*T*	42,9
ARS-USMARC-Parent-AY844963rs17871338	*A*	*A*	34,3	*G*	*G*	20,0
ARS-USMARC-Parent-AY849381rs29003287	*C*	*C*	17,1	*T*	*T*	17,1
ARS-USMARC-Parent-AY850194-no-rs	*T*	*T*	80	-	-	-
ARS-USMARC-Parent-AY851162-no-rs	*C*	*C*	22,9	*T*	*T*	25,7
ARS-USMARC-Parent-AY851163rs17871661	*C*	*C*	48,6	*T*	*T*	8,6
ARS-USMARC-Parent-AY853302-no-rs	*G*	*G*	40	*A*	*A*	8,6
ARS-USMARC-Parent-AY853303-no-rs	*A*	*A*	37,1	-	-	-
ARS-USMARC-Parent-AY856094rs17871190	*A*	*A*	8,57	*G*	*G*	34,3
ARS-USMARC-Parent-AY858890rs29002256	*G*	*G*	65,7	*C*	*C*	2,9
ARS-USMARC-Parent-AY860426-no-rs	*T*	*T*	77,1	-	-	0,0
ARS-USMARC-Parent-AY863214rs17871744	*T*	*T*	48,6	*C*	*C*	5,7
ARS-USMARC-Parent-AY914316rs17871403	*C*	*C*	37,1	*A*	*A*	8,6
ARS-USMARC-Parent-AY916666-no-rs	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	17,1
ARS-USMARC-Parent-AY919868rs29002211	*C*	*C*	14,3	*T*	*T*	25,7
ARS-USMARC-Parent-AY929334-no-rs	*G*	*G*	42,9	*A*	*A*	8,6
ARS-USMARC-Parent-AY937242rs17872223	*G*	*G*	25,7	*A*	*A*	25,7
ARS-USMARC-Parent-AY939849rs17870274	*C*	*C*	51,4	*T*	*T*	5,7
ARS-USMARC-Parent-AY941204rs17872131	*C*	*C*	37,1	*T*	*T*	20,0
ARS-USMARC-Parent-AY943841rs17871566	*G*	*G*	42,9	*A*	*A*	14,3
ARS-USMARC-Parent-DQ381152rs29002408	*T*	*T*	34,3	*A*	*A*	20,0
ARS-USMARC-Parent-DQ381153rs29012842	*T*	*T*	37,1	*G*	*G*	11,4
ARS-USMARC-Parent-DQ404149-nors	*C*	*C*	48,6	*T*	*T*	2,9
ARS-USMARC-Parent-DQ404150rs29012530	*T*	*T*	45,7	*G*	*G*	2,86
ARS-USMARC-Parent-DQ404151rs29019282	*C*	*C*	17,1	*T*	*T*	25,7
ARS-USMARC-Parent-DQ404152rs29022245	*T*	*T*	25,7	*C*	*C*	20
ARS-USMARC-Parent-DQ404153-no-rs	*A*	*A*	65,7	*G*	*G*	-
ARS-USMARC-Parent-DQ435443rs29010802	*G*	*G*	28,6	*T*	*T*	37,1
ARS-USMARC-Parent-DQ451555rs29010795	*A*	*A*	34,3	*G*	*G*	8,57
ARS-USMARC-Parent-DQ468384rs29003967	*G*	*G*	42,9	*T*	*T*	20,0
ARS-USMARC-Parent-DQ470475-no-rs	*T*	*T*	17,1	*A*	*A*	28,6
ARS-USMARC-Parent-DQ489377rs29026932	*C*	*C*	51,4	*T*	*T*	11,4
ARS-USMARC-Parent-DQ500958-no-rs	*A*	*A*	42,9	*G*	*G*	2,86
ARS-USMARC-Parent-DQ647186rs29014143	*T*	*T*	11,4	*C*	*C*	45,7

продолжение приложения 1

1	2	3	4	5	6	7
ARS-USMARC-Parent-DQ647187rs29010510	*G*	*G*	62,9	*A*	*A*	2,86
ARS-USMARC-Parent-DQ647189rs29012226	*A*	*A*	14,3	*G*	*G*	48,6
ARS-USMARC-Parent-DQ647190rs29013632	*C*	*C*	31,4	*T*	*T*	14,3
ARS-USMARC-Parent-DQ650635rs29012174	*A*	*A*	14,3	*G*	*G*	17,1
ARS-USMARC-Parent-DQ650636rs29024525	*G*	*G*	20	*A*	*A*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ674265rs29011266	*T*	*T*	17,1	*C*	*C*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ786757rs29019900	*C*	*C*	20	*T*	*T*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ786758rs29024430	*C*	*C*	65,7	*A*	*A*	0
ARS-USMARC-Parent-DQ786759rs29026696	*C*	*C*	42,9	*T*	*T*	8,57
ARS-USMARC-Parent-DQ786761rs29012840	*C*	*C*	45,7	*T*	*T*	8,57
ARS-USMARC-Parent-DQ786762rs29010772	*G*	*G*	31,4	*T*	*T*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ786764-no-rs	*T*	*T*	100	-	-	0
ARS-USMARC-Parent-DQ786765rs29009858	*C*	*C*	5,7	*A*	*A*	37,1
ARS-USMARC-Parent-DQ786766rs29012070	*G*	*G*	40	*A*	*A*	11,4
ARS-USMARC-Parent-DQ837643rs29018818	*A*	*A*	40	*G*	*G*	17,1
ARS-USMARC-Parent-DQ837644rs29010468	*G*	*G*	48,6	*T*	*T*	20
ARS-USMARC-Parent-DQ837645rs29015870	*C*	*C*	2,86	*T*	*T*	54,3
ARS-USMARC-Parent-DQ839235rs29012691	*T*	*T*	22,9	*G*	*G*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ846688rs29023691	*A*	*A*	22,9	*G*	*G*	11,4
ARS-USMARC-Parent-DQ846690-no-rs	*G*	*G*	22,9	*A*	*A*	31,4
ARS-USMARC-Parent-DQ846691rs29019814	*C*	*C*	31,4	*T*	*T*	17,1
ARS-USMARC-Parent-DQ846692rs29010281	*C*	*C*	25,7	*T*	*T*	37,1
ARS-USMARC-Parent-DQ846693rs29017621	*C*	*C*	31,4	*T*	*T*	25,7
ARS-USMARC-Parent-DQ866817-no-rs	*G*	*G*	37,1	-	-	-
ARS-USMARC-Parent-DQ866818rs29011701	*C*	*C*	42,9	*A*	*A*	11,4
ARS-USMARC-Parent-DQ888309rs29013741	*C*	*C*	20	*A*	*A*	28,6
ARS-USMARC-Parent-DQ888310rs29012422	*G*	*G*	45,7	*T*	*T*	14,3
ARS-USMARC-Parent-DQ888311rs29017313	*G*	*G*	31,4	*T*	*T*	20,0
ARS-USMARC-Parent-DQ888313-no-rs	*A*	*A*	34,3	*G*	*G*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ916058rs29016146	*G*	*G*	31,4	*A*	*A*	28,6
ARS-USMARC-Parent-DQ916059rs29009907	*T*	*T*	25,7	*C*	*C*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ984825rs29012457	*A*	*A*	17,1	*G*	*G*	25,7
ARS-USMARC-Parent-DQ984826rs29027559	*T*	*T*	22,9	*A*	*A*	22,9
ARS-USMARC-Parent-DQ984827rs29012019	*A*	*A*	28,6	*G*	*G*	25,7
ARS-USMARC-Parent-DQ990832rs29015065	*A*	*A*	68,6	-	-	-
ARS-USMARC-Parent-DQ990833rs29010147	*G*	*G*	45,7	*A*	*A*	-
ARS-USMARC-Parent-DQ990834rs29013727	*T*	*T*	11,4	*C*	*C*	45,7
ARS-USMARC-Parent-DQ995977rs29020834	*A*	*A*	11,4	*G*	*G*	25,7
ARS-USMARC-Parent-EF026084rs29025380	*G*	*G*	40,0	*A*	*A*	11,4
ARS-USMARC-Parent-EF026085rs29021607	*T*	*T*	60,0	*G*	*G*	5,71
ARS-USMARC-Parent-EF026086rs29013660	*C*	*C*	34,3	*T*	*T*	2,86
ARS-USMARC-Parent-EF026087rs29011643	*C*	*C*	20,0	*T*	*T*	17,1
ARS-USMARC-Parent-EF028073rs29014953	*T*	*T*	8,57	*C*	*C*	42,9

продолжение приложения 1

1	2	3	4	5	6	7
ARS-USMARC-Parent-EF034080rs29024749	*T*	*T*	51,4	*C*	*C*	2,86
ARS-USMARC-Parent-EF034081rs29009668	*A*	*A*	65,7	-	-	0
ARS-USMARC-Parent-EF034082rs29013532	*T*	*T*	48,6	*C*	*C*	20
ARS-USMARC-Parent-EF034083rs29018286	*C*	*C*	42,9	*A*	*A*	8,57
ARS-USMARC-Parent-EF034084rs29016185	*G*	*G*	34,3	*C*	*C*	17,1
ARS-USMARC-Parent-EF034085rs29025677	*A*	*A*	34,3	*G*	*G*	17,1
ARS-USMARC-Parent-EF034086-no-rs	*T*	*T*	42,9	*C*	*C*	11,4
ARS-USMARC-Parent-EF034087-no-rs	*C*	*C*	100	-	-	-
ARS-USMARC-Parent-EF042090-no-rs	*T*	*T*	28,6	*C*	*C*	20
ARS-USMARC-Parent-EF042091rs29014974	*T*	*T*	22,9	*C*	*C*	37,1
ARS-USMARC-Parent-EF089234rs29020870	*T*	*T*	37,1	*A*	*A*	11,4
ARS-USMARC-Parent-EF093509rs29015170	*A*	*A*	31,4	*T*	*T*	11,4
ARS-USMARC-Parent-EF093511rs29012316	*T*	*T*	68,6	*G*	*G*	-
ARS-USMARC-Parent-EF093512rs29013546	*G*	*G*	34,3	*C*	*C*	20
ARS-USMARC-Parent-EF141102rs29015783	*T*	*T*	28,6	*C*	*C*	22,9
ARS-USMARC-Parent-EF150946rs29023666	*A*	*A*	57,1	*G*	*G*	-
ARS-USMARC-Parent-EF164803rs29011141	*T*	*T*	34,3	*C*	*C*	11,4
BTA-100621-no-rs	*A*	*A*	42,9	*G*	*G*	17,1
BTA-11701-rs29017459	*G*	*G*	25,7	*A*	*A*	28,6
BTA-30857-no-rs	*C*	*C*	22,9	*T*	*T*	8,57
BTA-37062-no-rs	*G*	*G*	45,7	*T*	*T*	11,4
BTA-73768-no-rs	*T*	*T*	28,6	*C*	*C*	14,3
BTA-92021-no-rs	*A*	*A*	34,3	*T*	*T*	22,9
BTB-00188171	*T*	*T*	11,4	*C*	*C*	20
BTB-00394801	*C*	*C*	31,4	*A*	*A*	11,4
BTB-00420215	*A*	*A*	28,6	*C*	*C*	17,1
BTB-00818821	*G*	*G*	68,6	*A*	*A*	-
BTB-01057979	*T*	*T*	51,4	*C*	*C*	5,71
BTB-01285245	*T*	*T*	20	*C*	*C*	11,4
BTB-01416427	*G*	*G*	74,3			0
BTB-01478115	*T*	*T*	51,4	*C*	*C*	5,71
BTB-01902778	*G*	*G*	28,6	*A*	*A*	14,3
Hapmap24215-BTA-163266	*T*	*T*	60	*G*	*G*	8,57
Hapmap31098-BTA-136127	*G*	*G*	48,6	*A*	*A*	-
Hapmap34424-BES10_Contig566_926	*T*	*T*	48,6	*C*	*C*	5,71
Hapmap35535- SCAFFOLD86180_8791	*G*	*G*	2,86	*A*	*A*	48,6
Hapmap36588-SCAFFOLD90561_9460	*G*	*G*	42,9	*A*	*A*	5,71
Hapmap39425-BTA-70290	*T*	*T*	25,7	*G*	*G*	22,9
Hapmap39461-BTA-109898	*T*	*T*	37,1	*G*	*G*	14,3
Hapmap40148-BTA-92999	*G*	*G*	11,4	*T*	*T*	20
Hapmap40729-BTA-40319	*T*	*T*	45,7	*C*	*C*	14,3
Hapmap41591-BTA-59790	*C*	*C*	25,7	*T*	*T*	28,6
Hapmap43057-BTA-80741	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	8,57
Hapmap43142-BTA-107561	*T*	*T*	48,6	*C*	*C*	5,71

1	*2*	*3*	4	*5*	*6*	7
Hapmap43792-BTA-122725	*A*	*A*	28,6	*G*	*G*	5,71
Hapmap43953-BTA-83292	*G*	*G*	17,1	*A*	*A*	25,7
Hapmap46550-BTA-103548	*T*	*T*	37,1	*A*	*A*	5,71
Hapmap46653-BTA-47447	*A*	*A*	31,4	*T*	*T*	20
Hapmap47281-BTA-40051	*G*	*G*	28,6	*A*	*A*	17,1
Hapmap49452-BTA-112834	*A*	*A*	25,7	*G*	*G*	37,1
Hapmap50598-BTA-122724	*C*	*C*	17,1	*T*	*T*	34,3
Hapmap51227-BTA-41809	*C*	*C*	25,7	*T*	*T*	11,4
Hapmap51527-BTA-97415	*A*	*A*	48,6	*G*	*G*	8,57
Hapmap51908-BTA-63031	*T*	*T*	37,1	*C*	*C*	11,4
Hapmap52240-rs29013844	*T*	*T*	62,9	*G*	*G*	-
Hapmap54020-rs29023153	*C*	*C*	40	*T*	*T*	8,57
Hapmap54313-rs29012632	*T*	*T*	14,3	*C*	*C*	42,9
Hapmap54547-rs29012198	*G*	*G*	48,6	*A*	*A*	5,71
Hapmap55441-rs29010990	*C*	*C*	37,1	*T*	*T*	14,3
Hapmap60017-rs29023471	*G*	*G*	31,4	*A*	*A*	17,1
UA-IFASA-5034	*T*	*T*	31,4	*C*	*C*	31,4
UA-IFASA-6532	*G*	*G*	28,6	*T*	*T*	37,1