

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
«КУБАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ  
УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ И. Т. ТРУБИЛИНА»

На правах рукописи



ГЫРНЕЦ Евгений Анатольевич

**СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ  
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА С ПОМОЩЬЮ  
МЕТОДОВ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ**

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

Диссертация на соискание ученой степени  
кандидата биологических наук

Научный руководитель:  
доктор биологических наук, профессор  
академик РАН Кощаев Андрей Георгиевич

Краснодар, 2024

## ОГЛАВЛЕНИЕ

ВВЕДЕНИЕ .....	4
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ .....	12
1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ .....	12
1.1 Геномная индексная селекция в молочном животноводстве .....	12
1.2 Ключевые признаки и генетические аспекты корреляции, используемые для прогнозирования племенных качеств КРС по оценке CDCB .....	19
1.2.1 Ключевые признаки CDCB.....	20
1.2.2 Селекционные индексы.....	28
1.3 Развитие геномной индексной селекции в молочном скотоводстве .....	34
2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ.....	39
3 РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ .....	48
3.1 Генетико-математический анализ связи основных количественных признаков с продуктивностью молочного скота .....	48
3.1.1 Корреляция геномной ППС удоя и фактической продуктивности.....	49
3.1.2 Корреляция геномной ППС экономии корма и фактической продуктивности.....	54
3.1.3 Корреляция геномной ППС индекса стельности дочерей и фактической продуктивности .....	57
3.1.4 Корреляция геномной ППС продуктивного долголетия и фактической продуктивности .....	59
3.1.5 Корреляция индекса пожизненной прибыли LNMS\$ и фактической продуктивности .....	61
3.2 Прогнозирование племенной ценности потомства на основе данных геномной оценки матерей и быков производителей .....	64
3.3 Анализ полиморфизма генов молочных белков у коров голштинской породы .....	77

3.3.1	Полиморфизм гена CSN3 и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками.....	79
3.3.2	Полиморфизм гена CSN2 и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками.....	81
3.3.3	Полиморфизм гена LGB и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками.....	83
3.4	Применение геномных данных в селекции крупного рогатого скота.....	85
3.4.1	Оценка существующей селекционной стратегии хозяйства ООО «Урожай XXI век» с помощью геномных данных .....	86
3.4.2	Использование данных геномной оценки для ранжирования молодняка и выделения селекционных групп .....	99
3.5	Разработка селекционной системы разведения молочного скота с использованием данных геномной оценки.....	106
4	ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ОЦЕНКИ КРС .....	113
	ЗАКЛЮЧЕНИЕ.....	118
	СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ СОКРАЩЕНИЙ .....	121
	СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ .....	122
	ПРИЛОЖЕНИЯ .....	140

## ВВЕДЕНИЕ

**Актуальность темы исследования.** В современном быстро развивающемся мире животноводства использование геномной оценки становится все более важным. Геномная оценка относится к процессу анализа ДНК животного для прогнозирования его генетических качеств, что позволяет производителям принимать обоснованные решения относительно разведения и отбора. Этот инновационный инструмент произвел революцию в отрасли, предоставив точную и надежную информацию о генетическом потенциале продуктивности, здоровья и фертильности животного (Н. Илькив, 2022; G. R. Wiggans, 2022).

Одним из ключевых преимуществ геномной оценки в животноводстве является ее способность ускорять генетический прогресс в популяции. Традиционные методы разведения основывались на фенотипической информации, такой как экстерьер и производственные качества, что давало лишь ограниченную информацию. Однако, с помощью геномной оценки фермеры могут в раннем возрасте выявить животных с наиболее благоприятными генетическими признаками. Отбирая превосходных животных на основе их геномного потенциала, производители могут улучшить желаемые характеристики гораздо быстрее, чем с помощью традиционных методов (Y. de Naas et al., 2009; Ю. А. Столповский и др., 2020).

Еще одним важным преимуществом геномной оценки является ее потенциал в улучшении здоровья и фертильности животных. Выявляя животных, несущих гены, связанные с устойчивостью или восприимчивостью к определенным заболеваниям, производители могут принимать целенаправленные решения по разведению, чтобы снизить распространенность заболеваний в своих стадах. Этот упреждающий подход не только сводит к минимуму использование антибиотиков, но и помогает создать более здоровое и устойчивое стадо. Кроме того, геномная оценка способствует выявлению генетических аномалий, что позволяет производителям избегать разведения животных, которые могут нести вредные признаки. Это приводит к снижению ветеринарных расходов и повышению уровня благополучия животных (N. Vukasinovic et al., 2017).

Экономическое влияние геномной оценки в животноводстве невозможно переоценить. Отбирая животных с превосходным генетическим потенциалом, производители могут оптимизировать свою прибыльность за счет повышения продуктивности и эффективности. Геномная оценка облегчает принятие точных решений по разведению, гарантируя, что ценные ресурсы, такие как время, труд и корм, будут выделены животным, которые принесут максимальную прибыль. Более того, снижая заболеваемость и генетические дефекты, производители могут сэкономить значительные финансовые ресурсы, которые в противном случае были бы потрачены на ветеринарное лечение или корректирующие меры (Y. de Naas et al., 2009).

Кроме того, геномная оценка способствует устойчивому снижению воздействия животноводства на окружающую среду. Выбирая животных, которые более эффективны в кормлении или имеют более низкие выбросы метана, производители могут смягчить влияние отрасли на изменение климата. Возможность идентифицировать животных с меньшим воздействием на окружающую среду позволяет реализовать стратегии разведения, соответствующие целям устойчивого развития и нормативным требованиям (P. M. VanRaden, 2010).

В российских программах разведения КРС данный метод селекции получил значительное развитие в последнее десятилетие. На сегодняшний день активно развиваются отечественные программы генотипирования животных с созданием собственного селекционного индекса и референтных баз генотипов и фенотипов (Л. А. Калашникова и др., 2004; Ф. Ф. Зиннатов, А. М. Алимов, Ф. Ф. Зиннатов, 2012; И. Ф. Горлов, О. В. Сычева, Л. В. Кононова, 2016). Однако большая часть селекционных стратегий пока остается ориентированной на использование международных референтных баз и индексов, в частности индекс пожизненной прибыли (Lifetime net merit, LNM\$).

Геномная оценка в России в основном сосредоточена на молочных породах, в частности голштинской и черно-пестрой. Так, с 2021 г. число генотипов российских коров и телок в международной базе CDCB (Council of Dairy Cattle Breeding) увеличилось до 45 509 гол. (Counts of Genotyped Animals..., 2023).

Использование индексов и признаков CDCB для оценки генотипированных животных в России соответствует мировым тенденциям, поскольку они получили широкое распространение в ряде стран (S. Koenig, 2006; Е. Г. Бойко, 2009;

С. В. Banga, 2009; С. В. Banga, 2014; G. R. Wiggans, 2022;). Однако при высокой степени используемости, до сих пор остается актуальным вопрос соответствия прогноза показателей геномной оценки, полученных с помощью международных референтных баз, с фактическими фенотипическими показателями отечественных животных. Актуализация данной информации необходима для эффективного ведения селекционных программ как в товарных, так и в племенных хозяйствах.

**Степень разработанности темы исследования.** Теоретической предпосылкой исследования геномной селекции послужили труды Н. А. Зиновьевой с соавторами (2015), Н. С. Юдина с соавторами (2015), А. А. Сермягина с соавторами (2015, 2016), Е. Е. Мельниковой с соавторами (2016), Ю. А. Лысенко (2021).

А. С. Абдельманова с соавторами (2019) проводила расчет показателей инбридинга на основании полногеномных данных для оценки степени гетерозиготности как в целом в популяции, так и у каждой особи в отдельности.

И. Ю. Баженовой (2019) проведен сравнительный анализ сопоставимости оценки по качеству потомства и геномного прогнозирования у быков-производителей голштинской породы. Х. Абдулрахман с соавторами (2019) внедряли метод геномной оценки племенной ценности поголовья крупного рогатого скота по признакам фертильности и легкости отела. А. А. Сермягиным с соавторами (2017) проведена оценка племенной ценности для быков и коров по признакам продуктивности и здоровья на основе уравнения смешанной модели по BLUP, а геномный прогноз получен с помощью подхода GBLUP для генотипированных животных.

Из зарубежных ученых в направлении разработки системы геномной оценки и ее интеграции в селекцию крупного рогатого скота работали Р. М. VanRaden с Р. G. Sullivan (2010), М. S. Lund с соавторами (2014), А. М. Winkelman с соавторами (2015), I. Misztal с соавторами (2020), G. R. Wiggans с соавторами (2016), F. S. Schenkel с соавторами (2009), К. М. Olson с соавторами (2011).

Несмотря на многие научные работы в области изучения геномной селекции КРС, исследование взаимосвязи геномных оценок и фактических показателей маточного поголовья, возможности прогнозирования племенной ценности потомства и выстраивания эффективной селекционной стратегии все еще остается актуальной научной и практической задачей.

**Объект и предмет исследования.** Объект исследования – телки и первотелки крупного рогатого скота голштинской породы. Предмет исследования – комплексная система геномной селекции, включающая результаты геномной оценки КРС и показатели фактической продуктивности.

**Цель и задачи исследования.** Цель исследования – совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с помощью методов геномной селекции.

Для осуществления поставленной цели исследований необходимо решить следующие задачи:

- оценить корреляцию данных геномной оценки племенной ценности, полученных с помощью международной референтной базы генотипов и фенотипов, и продуктивных качеств маточного поголовья;

- определить характер наследования потомством генетического потенциала племенной ценности и хозяйственно-полезных признаков по данным геномной оценки родителей;

- рассмотреть взаимосвязь полиморфизма генов молочных белков с результатами геномной оценки признаков и показателями фактической продуктивности);

- сформировать алгоритм выделения селекционных групп на основе ранжирования молодняка по прогнозируемой племенной ценности;

- разработать и внедрить научно-обоснованные приемы селекционного совершенствования продуктивных качеств молочного скота голштинской породы за счет использования результатов геномной оценки молодняка);

- рассчитать экономическую эффективность разработанной системы геномной оценки молочного скота.

**Научная новизна.** Впервые дана оценка корреляции геномных оценок удоя ( $r = 0.49$ ), содержания жира ( $r = -0.30$ ) и белка ( $r = -0.34$ ), экономии корма ( $r = 0.05$ ), продуктивного долголетия ( $r = -0.04$ ), индекса стельности ( $r = -0.07$ ) и индекса пожизненной прибыли ( $r = 0.08$ ), полученных с помощью международной референтной базы гено- и фенотипов, с фактическим показателем продуктивности первотелок субпопуляции юга России.

Установлена возможность прогнозирования средней племенной ценности потомства по геномным оценкам родителей со средней абсолютной ошибкой

прогноза индекса LNM\$ 0,5 %. Определен необходимый минимальный размер выборки (357 родительских пар), при котором параметры точности прогноза сохраняются.

Установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов генов CSN3, CSN2, LGB. Изучена взаимосвязь генотипов CSN3, CSN2, LGB с результатами геномной оценки и фактическим удоом.

Предложена система ранжирования маточного поголовья по комплексному индексу и выделения селекционных групп с помощью распределения Гауса, в частности худшим животным следует относить не менее 15,8 % животных (от  $-1\sigma$  выше).

Рассчитана экономическая эффективность селекционной стратегии ранжирования поголовья по племенной ценности и продуктивности с последующей выранжировкой худших животных с помощью племенной продажи.

**Теоретическая и практическая значимость работы.** Для повышения продуктивности и генетического потенциала была разработана методология ранжирования маточного поголовья по результатам геномной оценки, выделения селекционных групп и стратегия в отношении худших животных, оцененных с помощью генотипирования.

Результаты исследования, полученные в ходе выполнения данной работы, имеют как теоретическую, так и практическую значимость для отечественного молочного животноводства. Разработанные стратегии продажи худших животных и осеменения семенем быков мясных пород (абердин-ангусской) показывают значительное ускорение генетического прогресса при ранжировании поголовья по результатам геномной оценки. На основании результатов исследований разработаны рекомендации по ведению селекционной работы, основанной на результатах геномной оценки хозяйственных признаков КРС.

**Методология и методы исследования.** Методология исследования базировалась на трудах ведущих зарубежных и отечественных ученых в области разведения КРС молочного направления продуктивности.

Исследования выполнялись на кафедре биотехнологии, биохимии и биофизики ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ, выделение ДНК и ее анализ проводили в Центре мо-

лекулярно-генетических исследований университета. Опыты на животных осуществляли в ООО «Урожай XXI век» (Брюховецкий район, Краснодарский край). Объектом исследования послужили телки и первотелки голштинской породы американской селекции Genex.

Для выполнения диссертационной работы использовали различные методы исследования, включая молекулярно-генетические и статистические методы обработки данных.

Данные, полученные в ходе научных экспериментов, были подвергнуты статистической обработке с помощью программы Microsoft Excel и Statistica 12.0, были произведены расчеты средних арифметических значений, коэффициента корреляции и достоверности различия сравниваемых показателей с использованием критерия однофакторного дисперсионного анализа.

**Положения, выносимые на защиту:**

- корреляция геномной оценки признаков с фактической продуктивностью позволяет вести селекцию на основе результатов генотипирования;
- прогнозирование племенной ценности потомства по геномным показателям родителей позволяет с высокой точностью предсказать среднее значение генетического потенциала приоритетных признаков;
- взаимосвязь полиморфизмов генов молочных белков с удоем первотелок;
- геномная оценка хозяйственно-полезных признаков телок позволяет достоверно увеличить молочную продуктивность путем блокирования передачи / сохранения худших генотипов в стаде;
- экономическая и селекционная эффективность использования результатов геномной оценки.

**Степень достоверности и апробация результатов работы.** Результаты исследований представлены, обсуждены и одобрены на ежегодных научно-практических конференциях сотрудников и аспирантов ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ (Краснодар, 2021–2024); Международной научно-практической конференции, посвященной 100-летию Кубанского государственного аграрного университета имени И. Т. Трубилина (Краснодар, 2021); Ежегодной научно-практической конференции преподавателей по итогам НИР за 2021 г. (Краснодар, 2022); Все-

российской научно-практической конференции «Зоотехническая индустрия: проблемы и решения» (Курск, 2023); Международной научно-практической конференции, посвященной 90-летию академика В. Г. Рядчикова «Современные проблемы в животноводстве: состояние, решение, перспективы» (Краснодар, 2024), Международной научно-практической конференции «Современное состояние и перспективы селекционно-племенной работы в животноводстве», приуроченной к 105-летию московской ветеринарной академии (Москва, 2024); Международной научно-практической конференции «Инновационное развитие агропромышленного комплекса: новые подходы и актуальные исследования» (Краснодар, 2024); Международной научно-практической конференции, посвященной празднованию 120-летия ФГБОУ ВО СПбГАУ «Современные достижения в генетике и селекции сельскохозяйственных животных (Санкт-Петербург, 2024).

Материалы диссертации представляют собой часть конкурсного проекта, отмеченного золотыми медалями на выставках «Новое время – 2021»; «Новое время – 2022»; «Золотая осень – 2022», «Золотая осень – 2023», «Агрорусь – 2023», «Агрорусь – 2024».

Диссертационная работа является частью тематического плана НИОКР, утвержденного Ученым советом ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ на 2016–2020 гг. (протокол от 25.01.2016 № 1) «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) и на 2021–2025 гг. (протокол от 20.12.2020 № 10) «Разработка инновационных природоподобных селекционно-технологических методов и способов повышения производства высококачественной продукции животноводства на основе современных ресурсосберегающих систем и технологий» (№ госрегистрации 121032300057-2).

Результаты исследований апробированы в хозяйствах Краснодарского края: ООО «Урожай XXI век» (Брюховецкий р-н), АО «Дружба» (Каневской р-н), учхоз «Кубань» (г. Краснодар), а также в селекционной деятельности предприятия ООО «Молочная Компания «Генетика-Юг», что подтверждено четырьмя актами внедрения.

Результаты диссертационной работы внедрены в учебную и научно-исследовательскую деятельность шести аграрных вузов страны (СПбГАУ, Оренбургский ГАУ, ГАУ Северного Зауралья, Башкирский ГАУ, Волгоградский ГАУ, ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ). Подготовлены и утверждены методические рекомендации по применению методов геномной оценки в селекционно-племенной работе животноводческих предприятий. Результаты исследования отражены в заявке на изобретение «Способ геномной селекции крупного рогатого скота».

**Личное участие автора.** Все данные, изложенные в научной работе, начиная от задач, входящих в рамки исследования, а также методик для решения поставленных задач, анализ результатов и их обсуждение, выводы и статистическая обработка, сделаны при личном участии автора. Автором лично были написаны и оформлены результаты исследований, отраженных в различных публикациях.

**Публикации.** По результатам работы опубликовано 18 научных работ, в том числе 8 в рецензируемых научных изданиях, рекомендованных ВАК Минобрнауки России («Ветеринария, зоотехния и биотехнология», «Ученые записки Казанского государственного ветеринарного института имени Н.Э. Баумана», «Труды Кубанского государственного аграрного университета»). По результатам научных исследований получены шесть свидетельств о регистрации баз данных, изданы методические рекомендации.

**Объем и структура диссертации.** Диссертационная работа изложена на 163 страницах компьютерного текста и состоит из следующих разделов: введение, обзор литературы, материалы и методы исследований, результаты исследований, экономическая эффективность применения геномной оценки, заключение, список использованных сокращений, список использованной литературы и приложения. Работа иллюстрирована 46 таблицами и 29 рисунками. Список использованной литературы включает 170 источника, из них 127 – зарубежных авторов.

## 1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

### 1.1 Геномная индексная селекция в молочном животноводстве

Геномная селекция отличается от селекции по родословной или фенотипу тем, что непосредственно использует в своем анализе ДНК. Для повышения достоверности прогноза племенной ценности на ранних сроках жизни используется сравнение ДНК-генотипов для множества локусов с существующими базами данных генотипов, родословных и фенотипической информации миллионов животных. До того, как генотипирование стало доступно, исследователи начали разрабатывать статистические методы и моделировать системы прогнозирования в селекции (А. Nejadi–Javaremi, 1997; Т. Н. Е. Meuwissen, 2001).

Геномная селекция первоначально использовалась в отношении быков для прогнозирования продуктивности потомства, но теперь широко применяется для генотипирования телочного поголовья и даже эмбрионов для прогнозирования их будущей продуктивности уже на первых этапах жизни. В результате основные базы данных молочного скота в 2019 г. содержат в сто раз больше генотипированных животных, чем в 2009 г., когда геномная селекция только начиналась (таблица 1).

Геномная селекция также широко используется в разведении мясного скота, птицы и свиней и для улучшения основных видов сельскохозяйственных культур (S. Xu, 2014; J. Crossa et al., 2017; J. M. Hickey et al., 2017).

Таким образом, генетические принципы, впервые открытые на горохе, теперь приносят пользу селекции гороха с использованием тех же инструментов, что были разработаны для КРС.

Первой составляющей геномной оценки является генотип. В 1992 г. в Северной Америке крупные организации, занимающиеся искусственным осеменением, начали передавать имеющиеся генотипы быков в хранилище Иллинойского университета (Урбана) (Y. Da et al., 1994), а в 1999 г. – в хранилище в Белтсвилле, штат Мэриленд (M. S. Ashwell, 2000). Эти два банка позже были объединены и включили в себя более чем 60 000 генотипов быков.

Таблица 1 – Изменение количества генотипов за 10 лет в различных базах данных  
(Р. М. VanRaden, 2020)

Вид	Страна	База данных генотипов	Количество	
			2009 г.	2019 г.
Молочный КРС	США и Канада	CDCB, Боуи, штат Мэриленд	22 340	3 020 000
	Франция	INRA, Жуи-ан-Жоза, Франция	8 500	975 000
	Германия и Австрия	VIT, Верден, Германия; ZuchtData, Вена, Австрия	3 000	785 000
	Нидерланды	CRV, Арнем, Нидерланды	6 000	465 000
	Новая Зеландия	LIC, Гамильтон, Новая Зеландия	4 500	140 000
Молочный и мясной КРС	Ирландия	ICBF, Бандон, Ирландия	–	1 500 000
Мясной КРС (Ангус)	США	Американская ассоциация ангу- сов, Сент-Джозеф, Миссури	–	550 000
Свиньи	Pig Improvement Company	PIC, Хендерсонвилл, Теннесси	–	400 000
Птицеводство	Aviagen	Хантсвилл, штат Алабама	–	1 000 000

Первоначальная стоимость генотипирования в 2008 г. составляла около 250 долл. США за образец с 50 000 маркеров SNP, но к 2020 г. снизилась до менее чем 70 долл. США за 50 тыс. SNP и менее 40 долл. США за генотипирование на чипах с низкой плотностью маркеров (около 20 000 SNP). Снижение стоимости обеспечено массовым внедрением исследования в селекционную работу хозяйств, а также использованием унифицированного набора маркеров (50 тыс. SNP), упрощающим сравнение и оценку животных. На сегодняшний день геномное тестирование КРС широко используется как в племенных, так и в товарных хозяйствах, так как ускорение генетического прогресса существенно превышает затраты на генотипирование.

С 2008 г. материал для генотипирования КРС сильно изменился (таблица 2). На первоначальном этапе развития геномики семя, как источник ДНК, использовалось только для референтных быков (оцененных по качеству потомства), а кровь отбиралась у молодых бычков. В 2010 г. 82 % образцов были выщипами

волос, 12 % – мазками, 5 % – кровью, < 1 % – семенем и < 1 % – ушными выщипами (Discovering ancestors and connecting..., 2020). В 2018 г. образцы представляли 14 % выщипов волос, < 1 % мазков, 2 % крови, 1 % пункций эмбрионов, < 1 % семени и 80 % ушных выщипов.

Таблица 2 – Источники образцов ДНК в 2008, 2010 и 2018 гг. для генотипирования КРС, использованных в геномных оценках США (P. M. VanRaden, 2020)

Источник ДНК	2008 г.		2010 г.		2018 г.	
	кол-во	%	кол-во	%	кол-во	%
Ушной выщип	0	0	100	<1	579 255	80
Волосной выщип	0	0	22 550	82	102 229	14
Кровь	623	11	1 375	5	14 656	2
Эмбрион	0	0	0	0	6 188	1
Мазок из носа	0	0	3 300	12	656	<1
Семя	5 285	89	200	<1	319	<1
Неизвестный	0	0	0	0	17 048	2

Ключевой задачей при внедрении геномной оценки являлось повышение достоверности получаемой информации (E. A. Mäntysaari, 2010). К 2020 г. качество генотипов достигло высоких показателей практически по всем маркерам. Частота ошибок часто составляет < 0,1 %. Контроль качества как новых, так и предыдущих данных значительно улучшается путем сравнения генотипа каждого животного с генотипами его родителей и потомства. Этот процесс помогает исправить ошибки в родословных, а также ошибки идентификации отдельных маркеров (H. A. Mulder, 2016).

Методы идентификации новых мутаций становятся все более точными. Но методы, позволяющие точно определить их влияние на интересующие признаки, еще недостаточно проработаны. Тем не менее, существующие модели могут использовать аннотацию генов для повышения точности (I. M. MacLeod et al., 2016; L. Fang et al., 2018).

Доминантные мутации могут иметь большое влияние на следующее поколение. Например, у половины дочерей новозеландского быка голштинской породы HALCYON после отела было мало молока или оно отсутствовало вовсе (M. D. Littlejohn et al., 2014; R. Spelman, 2015). У 12 % телят, рожденных от быка датской голштинской породы Captivo (с новой мутацией зародышевой линии, затрагивающей только часть сперматозоидов), была выявлена хондродисплазия (J. S. Agerhol et al., 2016; I. M. Hälfinger et al., 2018), а половина потомства канадской голштинской коровы Розабель имела рыжий окрас (T. J. Lawlor et al., 2018). Такие рецессивные мутации, как дефицит холестерина, который восходит к канадскому голштинскому быку Моулин Сторм, обнаружить труднее, но они могут поражать больше животных (S. Kipp et al., 2016). В будущем каждый новый бык, используемый в программе воспроизводства, может быть секвенирован для обнаружения новых мутаций, не выявленных в предыдущих поколениях.

Проект «1000 бычьих геномов» (H. D. Daetwyler et al., 2014) в настоящее время включает данные о последовательностях для более чем 3 800 гол. крупного рогатого скота по всему миру и выявил более 150 млн отфильтрованных вариантов. Уже обнаружено 118 животных с новыми, крупными хромосомными делециями, отсутствующими у родителей; 252 животных имеют половые хромосомы XXУ, аналогичные тем, которые ассоциированы с синдромом Клайнфельтера у человека.

Однако даже с появлением новых мутаций генетический прогресс может продолжаться в течение многих поколений и достичь пределов отбора, намного превышающих нынешние показатели хозяйственно-полезных признаков, комбинируя благоприятные эффекты независимых хромосом и гаплотипов (J. V. Cole, 2011).

Большая референтная популяция повышает достоверность геномной оценки за счет сопоставления большего количества генотипов с фенотипами для оценки каждого небольшого генетического эффекта. Даже если доступны образцы ДНК, принадлежащие более старшим поколениям животных, информация о последних поколениях вносит в достоверность большой вклад (D. A. L. Lourenco et al., 2014). Точность геномного прогнозирования также была повышена путем включения

маточного поголовья в референтную популяцию, особенно если имеется небольшое количество быков, прошедших оценку по потомству (J. R. Thomasen et al., 2014; C. Edel et al., 2016; G. Su et al., 2016; J. Jenko, G. R. Wiggans, T. A. Cooper 2017). Референтная геномная популяция голштинской породы в США (GENETIC TREND, 2024) в настоящее время включает более 454 000 генотипов быков-производителей и более 7 000 000 генотипов коров голштинской породы. Получение фенотипов также необходимо для каждого генотипированного поколения, чтобы определить, согласуются ли фактические показатели с предсказанными.

В настоящее время база также содержит генотипы более чем 13 000 эмбрионов. Внутриутробный отбор образцов может еще больше увеличить темп генетического прогресса. При высокой интенсивности отбора рынок генотипирования эмбрионов может увеличиться в 5 раз. Телятами станут только те, у кого самые высокие прогнозы племенной ценности. Однако эта стратегия пока недоступна в товарных стадах, где затраты на перенос эмбрионов, потерю фертильности и генотипирование превышают выгоды от селекции.

Надежность предсказаний низка при малых популяциях. По достижении референтной базы CDCB 3 000 000 записей генотипов к 2018 г. фактическая достоверность прогнозов составила в среднем 71 % для голштинской породы и 65 % для джерсейской породы (P. M. VanRaden, 2018).

Международные базы данных существенно повышают точность прогнозирования за счет увеличения размера референтной популяции по сравнению с генетическими оценками внутри стран, ранее разработанными для тестирования потомства. Если не принимать во внимание уникальные местные породы, то получение геномных прогнозов из международной базы данных, как правило, более экономически и статистически эффективно, чем вычисление прогнозов только из локальных данных. Стоимость разработки отечественной системы геномного прогнозирования для некоторых стран может оказаться слишком высокой, если точные прогнозы уже доступны из зарубежных баз данных (D. Matthews, 2019).

С момента первого внедрения геномной оценки в США в 2009 г. данная технология получила серьезное развитие во многих странах Европы, Азии (N. Ibanez-Escriche, 2016). Вскоре после начала геномной селекции несколько

стран Европы обменялись генотипами референсных быков голштинской породы (M. S. Lund , 2011), а Interbull (Уппсала, Швеция) обменялись генотипами быков бурой швицкой породы (H. Jorjani et al., 2012) для повышения точности. Так, международные методы мета-анализа, известные как межстрановая оценка геномных мультипризнаков (MACE), были разработаны для объединения и преобразования геномных оценок признаков разных стран (P. Sullivan, 2019).

В результате обмена генотипов, более 500 000 генотипов CDCB получены из стран Европы, Южной Америки, Канады, Африки и Азии. В России на 2023 г. в базе CDCB зарегистрировано ~ 59 897 коров и телок, а также 454 быка.

Многие новые признаки, оцениваемые в настоящее время, часто имеют низкую наследуемость (например, остаточное потребление корма) или требуют больших первоначальных инвестиций для получения фенотипов. Это также побуждает селекционные программы разных стран к международному сотрудничеству (C. Rexroad et al., 2019). Уже сегодня международное взаимодействие в рамках геномного MACE позволяет оценить генетические взаимодействия с окружающей средой. Предполагается, что благодаря такому сотрудничеству в будущем появится возможность прогнозировать у КРС устойчивость к тепловому стрессу (Y. De Naas et al., 2015). Что касается наименее наследуемых признаков, то достоверность геномной оценки в настоящее время может быть выше, чем при традиционной оценке быков по качеству потомства. Селекционные индексы, включающие новые признаки, могут повысить эффективность отбора, если экономические эффекты для них рассчитаны правильно.

Реализация геномной селекции намного проще при наличии базы данных фенотипов с хорошо развитой системой племенного учета. Исследователи должны начать с оценки потенциальной достоверности результатов и расчета ожидаемой отдачи от инвестиций, прежде чем внедрять геномную селекцию. Для этого может потребоваться дополнительный сбор достаточного количества фенотипов и для оценки параметров существующих и новых признаков, а также достаточного количества генотипов для определения структуры популяции и проверки точности родословных. Необходимо внедрение унифицированной

идентификации животных, предпочтительно с использованием стандартных методов, одобренных Международным комитетом по учету животных. Решение, фенотипы каких признаков следует измерять и включить в национальный селекционный индекс также является ключевым шагом. Для начала могут потребоваться большие инвестиции в создание референтной популяции, разработку инструментов генотипирования, биоинформатических моделей прогнозирования племенной ценности. Такие инвестиции могут окупиться, а могут и не окупиться в зависимости от достигнутой достоверности, размера потенциального рынка и количества других организаций, предлагающих аналогичные, лучшие или более дешевые услуги. Во многих случаях прогресс происходит быстрее при сотрудничестве, чем при конкуренции.

Дальнейшее применение геномики в сочетании с инструментами воспроизводства, взаимодействием генотипа и окружающей среды, межпородным прогнозированием, секвенированием и биоинформатикой должно еще больше ускорить прогресс в молочном животноводстве в следующем десятилетии (Т. Т. Т. Nguyen et al., 2017).

Таким образом, геномная селекция представляет собой мощный инструмент, который в сочетании с другими современными методами, такими как воспроизводственные технологии, взаимодействие генотипа и окружающей среды, а также межпородное прогнозирование, будет и дальше ускорять прогресс в молочном животноводстве в ближайшие годы. Внедрение геномных технологий требует значительных инвестиций, но при правильном подходе они могут обеспечить значительные преимущества и повысить эффективность селекционной работы. Однако, пока в России система геномного прогнозирования пока находится на стадии формирования отечественной референтной базы, важно использовать международный опыт и готовые решения. В связи с этим остается необходимость в оценке селекционного отклика отечественной популяции на генотипирование с использованием международных референтных.

## 1.2 Ключевые признаки и генетические аспекты корреляция, используемые для прогнозирования племенных качеств КРС по оценке CDCB

Разработка подходов к оценке признаков КРС в CDCB отражает многолетнюю эволюцию подходов к оценке и улучшению генетики молочного скота. Этот процесс включает в себя интеграцию научных исследований, технологических достижений и практических потребностей молочных ферм. В середине XX в. в США начали систематически собирать данные о производительности молочного скота. Основное внимание уделялось таким базовым признакам, как объем молока, содержание жира и белка. Сбор большого массива данных побудил заводчиков КРС объединяться в племенные ассоциации для стандартизации критериев оценки и обмена данными. Это стало основой для создания более организованных систем оценки скота. В 1960–70-е гг. начали использовать компьютеры для обработки и анализа данных о продуктивности скота. Это позволило более точно оценивать генетический потенциал животных и прогнозировать племенную ценность потомства (F. N. Dickinson, 1969).

В 1970-х гг. была создана первая централизованная база данных для сбора и хранения информации о хозяйственно-полезных признаках молочного скота, что значительно упростило доступ к данным и их анализ (H. D. Norman, 1979).

В 1980–1990-е гг. были разработаны более точные методы генетической оценки, такие как модели смешанных эффектов (BLUP, Best Linear Unbiased Prediction / Наилучший линейный несмещенный прогноз). Они позволили учитывать влияние окружающей среды и другие факторы, влияющие на продуктивность. Начато активное внедрение признаков здоровья и репродуктивной способности, такие как содержание соматических клеток, продуктивное долголетие и оплодотворяемость (A. A. Kudinov et al, 2020).

С развитием геномных технологий стало возможным проводить геномную оценку скота. Это позволило с высокой точностью прогнозировать племенную ценность животных с первых дней жизни и сократить интервал между поколениями в быкопроизводстве с 5–7 мес до двух лет (Е. В. Тележенко, 2016).

В 2013 г. была создана организация Council of Dairy Cattle Breeding (CDCB), которая объединила различные данные и ресурсы для проведения комплексной генетической оценки молочного скота в США. CDCB стала центральной организацией, отвечающей за сбор, обработку и распространение данных о молочном скоте. В последние годы активно используются технологии больших данных и машинного обучения для анализа больших объемов данных о продуктивности, здоровье и генетике скота. Это позволяет улучшать точность генетических оценок, разрабатывать и внедрять новые признаки, такие как устойчивость к заболеваниям и потребление корма, что помогает фермерам повышать продуктивность и устойчивость своих стад (E. L. Nicolazzi, 2018).

### ***1.2.1 Ключевые признаки CDCB***

Оценка признаков проходит по референтной базе генотипов, фенотипов относительно хозяйственных показателей первотелок, называемых референтными значениями. Обновление референтных значений проходит каждые пять лет. Так, сегодняшняя оценка генетического потенциала признаков быков или маточного поголовья проходит относительно показателей первотелок 2015 года рождения, закрывших первую лактацию.

Признаки продуктивности, здоровья фертильности выражены в формате прогнозируемой передающей способности (ППС/РТА, Predicted transmission ability), т. е. для быков / коров указываются значения признаков, которые они передадут своему потомству. Если по результатам оценки у быка указан удой «+ 1000 фунтов», а коровы – «+ 500», то генетический потенциал удоя (относительно референтных показателей) их потомства составит «+ 1500 фунтов» (P. M. VanRaden, 2002).

Ввиду отличающихся единиц измерения различных признаков экстерьера (см, градусы, кг и др.), принято их выражать в стандартизированной передающей способности (СПС/СТА, Standardized transmission ability), выраженной в стандартном отклонении от значений референтной популяции.

*Удой* (Milk, фунт) – ожидаемый дополнительный удой дочерей быка / коровы относительно генетического базиса США. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 28071 фунт (12 744 кг) (V. S. Moncur, 2021).

*Жир* (Fat, фунт или %) – ожидаемый дополнительный жир (фунт за лактацию, либо % жира в молоке) дочерей быка / коровы относительно генетического базиса. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 1077 фунтов (489 кг; 3,83 %).

*Белок* (Protein / Pro, фунт или %) – ожидаемый дополнительный белок (фунт за лактацию, либо % белка в молоке) дочерей быка / коровы относительно генетического базиса. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 871 фунт (395 кг; 3,29 %) (M. W. Dekleva et al., 2012).

*Экономия корма* (Feed Saved / FSAV, фунт) – ожидаемая экономия корма в фунтах потребления сухого вещества за период лактации, на основе сводной оценки массы тела (BWC) и остаточного потребления корма (RFI). Большие значения предпочтительны. Точное значение базиса отсутствует (M. A. Madilindi et al., 2022).

*Продуктивное долголетие* (Productive Life / PL, месяц) – характеризует способность дочерей быка / коровы к сохранению здоровья, повторному оплодотворению и производству достаточного количества молока, чтобы ее не выбраковали по причине низкой продуктивности. Выражается большим / меньшим сроке продуктивного использования по сравнению с референтной популяцией. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 26,2 месяца (A. de Vries, 2003).

*Жизнеспособность* (Cow Livability / LIV, %) – характеризует большую / меньшую вероятность коровы по сравнению с референтной популяцией прожить достаточно долго, находясь в дойном стаде, даже после окончания продуктивного срока использования. Так, бык с оценкой жизнеспособности коровы + 2,1 произведет на свет на 2,1 % больше дочерей по отношению к референтной базе, которые останутся в живых до продажи, отправки на мясокомбинат и др. Самостоятельно умершие животные лишают дополнительной прибыли. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 85,7 % (J. R. Wright, 2016).

*Жизнеспособность тёлочек* (Heifer Livability / HLIV, %) – характеризует большую / меньшую вероятность телки по сравнению с референтной популяцией прожить от 2 дней после рождения до 18-месячного возраста в стаде со средними условиями управления. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 86,3 % (P. M. VanRaden et al., 2016).

*Содержание соматических клеток* (ССК / SCS, Somatic Cell Score, Log) – показатель, оценивающий содержание соматических клеток в молоке. Предполагается, что дочери быков с низким показателем SCS (ниже 3,0) менее подвержены заболеванию маститом по сравнению с дочерьми быков / коров, имеющих высокий показатель ССК. Выражается в логарифмических единицах, поэтому увеличение фактического количества клеток с ростом балла SCS нелинейно. Меньшие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 2,31 (M. M. Schutz, 1994).

*Индекс стельности дочерей* (Daughter Pregnancy Rate / DPR, %) – показывает вероятность коров по сравнению с референтной популяцией стать стельной в течение каждого 21-дневного периода. В карточке быка DPR равный 1 % означает, что у его дочерей на 1 % больше шансов забеременеть во время цикла течки, чем у дочерей быков с DPR 0. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 31,2 % (R. C. Bicalho et al., 2014).

*Оплодотворяемость коров* (Cow Conception Rate / CCR, %) – характеризует большую/меньшую вероятность осеменённых лактирующих коров по сравнению с референтной популяцией стать стельными. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 38,7 % (M. Gobikrushanth et al., 2020).

*Оплодотворяемость телочек* (Heifer Conception Rate / HCR, %) – характеризует большую / меньшую вероятность осеменённых телочек по сравнению с референтной популяцией стать стельными. При анализе учитываются только телки в возрасте от 12 до 24 мес. Большие значения предпочтительны. Значение в референтной базе: 55,3 % (P. M. VanRaden et al., 2004).

*Оплодотворяющая способность семени* (Sire Conception Rate / SCR, %) – оплодотворяющая способность семени отражает ожидаемую разницу в проценте

плодотворных осеменений семенем данного быка по сравнению с семенем других быков, используемых на том же стаде. Оценки выражаются в виде отклонений от общего среднего (F. Peñagaricano, 2020).

*Прогнозируемый инбридинг* (Expected Future Inbreeding / EFI, %) – это предполагаемый будущий уровень инбридинга потомков животного, рассчитанный по родословным при гипотетическом скрещивании с 1000 коров референтной популяции, родившихся за последние 4 года (J. H. Jakobsen et al., 2004; C. Sun et al., 2013).

*Легкость отела по быку* (Sire Calving Ease / SCE, %) – прогнозируемый процент (от абсолютного нуля) затрудненных отелов у первотелок, оплодотворенных семенем этого быка. Затрудненные отелы в большей степени обуславливаются размером плода. Значения менее 2,2 % предпочтительны (P. M. VanRaden, 2005; J. V. Cole et al., 2009).

*Легкость отела дочерей* (Daughter Calving Ease / DCE, %) – прогнозируемый процент (от абсолютного нуля) затрудненных отелов у дочерей данного быка / коровы по сравнению со средним показателем по популяции. Оценки выражаются в процентах трудных родов для первотелок. Затрудненные отелы обуславливаются конформацией костей, родового пути. Значения менее 2,2 % предпочтительны (L. C. Hardie et al., 2022).

*Мертворожденность по быку* (Sire Stillbirth, %) – прогнозируемый процент (от абсолютного нуля) мертворождения телят у коров, оплодотворенных семенем данного быка. Мертворождением считается, в том числе, и смерть теленка в течение первых 48 ч с момента рождения. Меньшие значения предпочтительны (J. V. Cole et al., 2007).

*Мертворожденность по дочерям* (Daughter Stillbirth, %) – прогнозируемый процент (от абсолютного нуля) мертворождения телят у дочерей данного быка. Мертворождением считается, в том числе, и смерть теленка в течение первых 48 ч с момента рождения. Меньшие значения предпочтительны (C. N. Vierhout, 2008; A. Sigdel et al., 2022).

*Приближение 1-го отела* (Early First Calving / EFC, день) – скорость наступления первой стельности по отношению к референтной базе. Большие значения предпочтительны (H. D. Norman, 2011; E. L. de Maturana et al., 2007).

*Сводная оценка вымени (Udder Comp. / UDC)* – сводная оценка способности быка / коровы улучшать качество вымени дочерей. Показатель рассчитан, исходя из линейной оценки (СПС) признаков телосложения. Структура субиндекса представлена в таблице 3.

Таблица 3 – Структура субиндекса сводной оценки вымени (D. Lee, 2010)

Признак	Вес, %
Глубина вымени	35
Расположение передних сосков	5
Расположение задних сосков	7
Прикрепление передних долей вымени	16
Высота прикрепления вымени сзади	16
Ширина задних долей вымени	12
Центральная связка вымени	9

*Сводная оценка конечностей (FLC, Feet & Leg Comp.)* – сводная оценка способности быка / коровы улучшать качество конечностей дочерей. Показатель рассчитан, исходя из линейной оценки (СПС) признаков телосложения. Структура субиндекса представлена в таблице 4.

Таблица 4 – Структура субиндекса сводной оценки конечностей (D. Lee, 2010)

Признак	Вес (%)
Оценка конечностей в баллах	50
Угол постановки копыт	24
Постановка задних ног (вид сзади)	18,5
Постановка задних ног (вид сбоку)	7,5

В селекционной работе важно учитывать наследуемость признаков, а также их генетическую и фенотипическую корреляцию (таблица 5) (А. Р. Krugliak, 2017).

Для удоя отмечается высокая положительная корреляция с содержанием белка (0,83) и жира (0,43) в фунтах, что свидетельствует о том, что генетические

улучшения, направленные на увеличение молочной продуктивности, будут сопровождаться повышенным выходом жира и белка. Положительная корреляция с жиром (0,69) и белком (0,90), подтверждающая взаимосвязь на уровне фенотипа.

Продуктивное долголетие имеет высокую генетическую корреляцию с признаками фертильности: индексом стельности дочерей (0,64), оплодотворяемостью телок (0,32), оплодотворяемостью коров (0,62), а также жизнеспособностью (0,70). Позитивная корреляция продуктивного долголетия с молочной продуктивностью (0,10), жиром (0,15) и белком (0,13). Фенотипическая корреляция подтверждает генетические тенденции, хотя и менее выраженная.

Содержание соматических клеток имеет отрицательную корреляцию с продуктивностью по молоку ( $-0,10$ ), жиру ( $-0,10$ ), белку ( $-0,10$ ), продуктивным долголетием ( $-0,40$ ), индексом стельности ( $-0,27$ ), оплодотворяемостью коров ( $-0,25$ ), жизнеспособностью ( $-0,25$ ), что указывает на необходимость включения данного признака в селекционные программы хозяйств. Отрицательная фенотипическая корреляция подтверждает эти выводы. Также обращает на себя внимание высокая положительная генетическая корреляция признаков экстерьера: сводных оценок вымени и конечностей (0,45).

Продуктивные признаки (молоко, жир, белок) имеют высокую положительную корреляцию как на генетическом, так и на фенотипическом уровне, что свидетельствует о возможности одновременного улучшения этих признаков при селекции.

Продуктивное долголетие (PL) имеет значительные положительные корреляции с экономически важными признаками, что подчеркивает его важность в селекционных программах.

Также введено такое понятие, как экономическая значимость признака – дополнительная прибыль, получаемая при изменении данного признака на единицу. Например, экономическая ценность содержания белка определяется увеличением цены на молоко, когда оно содержит дополнительный процент белка при прежнем уровне удоя и содержания жира. Генетическая ценность каждого признака, имеющего экономическую ценность, в идеале должна быть предсказана как по прямым, так и по косвенным показателям (A. St-Onge, 2002; A. Amaya et al., 2020).

Таблица 5 – Значения корреляции признаков CDCVB (P. M. VanRaden, 2021)

Признак	ППС признаков										
	удой	жир	белок	продукт. долголет.	содерж. сомат. клеток	свод. оценка вымени	свод. оценка конечн.	индекс стельн. дочерей	оплод. телок	оплод. коров	жизне- способность
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Удой	0,20	0,43	0,83	0,10	0,02	-0,10	-0,02	-0,23	-0,03	-0,16	0,03
Жир	0,69	0,20	0,59	0,15	-0,09	-0,07	0,01	-0,15	0,03	-0,10	0,06
Белок	0,90	0,75	0,20	0,13	0,04	-0,14	-0,01	-0,18	-0,07	-0,15	0,05
Продуктивное долголетие	0,15	0,17	0,16	0,08	-0,45	0,18	0,14	0,64	0,32	0,62	0,70
Содержание соматических клеток	-0,10	-0,10	-0,10	-0,40	0,12	-0,23	-0,15	-0,27	-0,12	-0,25	-0,25
Свод. оценка вымени	-0,02	-0,05	-0,06	0,15	-0,30	0,27	0,45	0,09	0,03	0,04	0,08
Свод. оценка конечностей	-0,14	-0,11	-0,18	0,08	-0,02	0,40	0,15	0,03	-0,01	-0,04	0,06
Индекс стельности дочерей	-0,10	-0,10	-0,10	0,20	-0,05	0,00	0,00	0,04	0,87	0,35	0,43
Оплодотворяемость телок	-0,05	-0,05	-0,05	0,10	-0,04	-0,05	-0,05	0,10	0,01	0,54	0,22

Продолжение таблицы 5

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Оплодотворяемость коров	-0,10	-0,10	-0,10	0,40	-0,20	0,03	-0,04	0,70	0,45	0,02	0,43
Жизнеспособность	0,11	0,13	0,12	0,70	-0,40	0,10	0,05	0,40	0,20	0,15	0,01
Примечание: генетические корреляции находятся выше диагонали, фенотипические корреляции – ниже диагонали, а наследуемость – по диагонали для каждого из 11 признаков.											

В связи с этим формирование селекционных индексов определяется следующими факторами:

– селекционный отклик (определяет реальный результат селекции по признаку и зависит от интенсивности селекции, наследуемости и корреляции с другими признаками;

– удельный вес (не зависит от взаимосвязей с другими признаками и лишь определяет экономическую и селекционную значимость признака в индексе).

В частности, такой признак, такой как субиндекс стельности дочерей, может иметь высокий удельный вес в индексе LNM% (например, 5 %), поскольку он экономически важен, однако селекционный отклик по этому признаку может быть ниже (4,1 %) из-за низкой наследуемости и негативной корреляции с другими признаками, например, продуктивностью. Удельный вес определяет значимость признака в индексе, а селекционный отклик отражает, насколько эффективно этот признак будет улучшен в процессе селекционной работы. (F. Miglior, 2005; P. M. VanRaden, 2005).

История разработки признаков КРС в CDCB демонстрирует непрерывное стремление к улучшению генетики молочного скота с использованием передовых технологий и научных достижений. Это сотрудничество науки и практики позволило создать эффективные инструменты для селекции и управления молочными стадами, что способствует повышению продуктивности и здоровья животных.

### ***1.2.2 Селекционные индексы***

Селекционные индексы выстроены на одних и тех же признаках CDCB, однако ориентируются на разные селекционные цели, что отражается в весовых коэффициентах признаков.

*Индекс пожизненной прибыли* (ИПП / LNM\$, Lifetime Net Merit) ранжирует животных на основе их совокупных генетических показателей по экономически важным признакам. Индекс периодически обновляется, чтобы включить новые признаки или отразить их экономическую значимость, ожидаемую в ближайшие несколько лет.

Он определяется как ожидаемая дополнительная прибыль, которая, будет передана среднестатистической дочери коровы за продуктивную жизнь, по сравнению с прибылью, полученной от маточного поголовья, рожденного в 2015 г. Для расчета официального LNM\$ используется линейная аппроксимация этой нелинейной функции, рекомендованная Годдардом (M. E. Goddard, 1983).

LNM\$ измеряет дополнительную пожизненную прибыль дочерей, но не включает в себя прибыль от внучек или более отдаленных потомки. Разрабатываемые методы оценки потока генов и их влияние на доходность могли бы дать более полный прогноз общей прибыли от всех потомков.

Ниже приведена история основных изменений весовых коэффициентов генетико-экономических индексов USDA для молочного скота (таблица 6) (P. M. VanRaden, J. B. Cole, K. L. P. Gaddis, 2018; J. B. Cole et al., 2010; P. M. VanRaden, A. J. Seykora, 2000; P. M. VanRaden, J. B. Cole, 2000).

Таблица 6 – Изменение структуры и весовых коэффициентов индекса Министерства сельского хозяйства США (P. M. VanRaden, 2021)

Признак	Генетико-экономический индекс (год введения)										
	PD\$ (1971)	MFP\$ (1976)	CY\$ (1984)	LNMS\$ (1994)	LNMS\$ (2000)	LNMS\$ (2003)	LNMS\$ (2006)	LNMS\$ (2010)	LNMS\$ (2014)	LNMS\$ (2017)	LM\$ (2018)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Удой	52	27	-2	6	5	0	0	0	-1	-1	-1
Жир	48	46	45	25	21	22	23	19	22	24	27
Белок	...	27	53	43	36	33	23	16	20	18	17
Прод. долг	...	...	...	20	14	11	17	22	19	13	12
Сомат. клетки	...	...	...	-6	-9	-9	-9	-10	-7	-7	-4
Оцен. массы тела	...	...	...	...	-4	-3	-4	-6	-5	-6	-5
Оцен. вымени	...	...	...	...	7	7	6	7	8	7	7
Оцен. конечн.	...	...	...	...	4	4	3	4	3	3	3
Индекс стел. дочерей	...	...	...	...	...	7	9	11	7	7	7
Легкость отела	...	...	...	...	...	...	6	5	5	5	5

Продолжение таблицы 6

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Оплод. телок	...	...	...	...	...	...	...	...	1	1	1
Оплод. коров	...	...	...	...	...	...	...	...	2	2	2
Жизнеспосбн.	...	...	...	...	...	...	...	...	...	7	7
Оцен. здоровья	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	2

1971 г. – Министерство сельского хозяйства США ввело первый генетико-экономический индекс «Прогнозируемая стоимость» (PD\$), включающий только удой и выход жира (Н. D. Norman, В. G. Cassell, F. N. Dickinson, A. L. Kuck, 1979; Н. D. Norman, 1986).

1977 и 1984 гг. – Введение формул экономических индексов, основанных на экономической ценности белка (MFP\$) и выходе сыра (CY\$).

1980-е гг. – Разработали матрицу сравнения генетических линий в экспериментальных стадах. Разработан индекс пожизненной прибыли LNM\$ для более справедливого сравнения краткосрочных и долгосрочных инвестиций.

1994 г. – Признаки продуктивного долголетия и содержания соматических клеток включены в NM\$ (P. M. VanRaden, G. R. Wiggans, 1995).

1999 г. – Выделены еще два селекционных индекса в зависимости от ценообразования на молоко: CM\$ – ориентация на выход сыра, FM\$ – ориентация в большей степени на валовое производство и в меньшей на компоненты молока.

2000 г. – Включение в индекс признаков экстерьера.

2003 г. – Включение в индекс LNM\$ признаков фертильности коров и легкости отела.

2006 г. – Изменение весовых коэффициентов LNM\$. Корреляция с формулой 2003 г. NM\$ для быков, протестированных по качеству потомства, составила 0,975. Пересмотр ППС продуктивного долголетия и добавление мертворожденности.

2010 г. – Изменения вызваны ростом цен на корма, снижением стоимости телок и увеличением затрат на выращивание ремонтного молодняка, но без добавления новых признаков. Индекс LNM\$ коррелировал на 0,99 с формулой 2006 г. NM\$.

2014 г. – Включение новых признаков: оплодотворяемость телок и оплодотворяемость коров. Индекс LNM\$ коррелировал на 0,965 с индексом 2010 г. LNM\$.

2017 г. – Включение нового признака – жизнеспособность. Индекс LNM\$ коррелировал на 0,989 с индексом 2014 г. LNM\$.

2018 г. – Включение параметра, определяющего устойчивость к заболеваниям. Индекс LNM\$ коррелирует на 0,994 с индексом LNM\$ 2017 г. Ожидаемое увеличение генетического прогресса на 1,4 млн долл. в год на национальном уровне США при условии улучшений и отбора по LNM\$ (B. Fessenden et al., 2020).

В 2021 г. проведена новая переоценка индекса LNM\$ с добавлением двух признаков: жизнеспособность телок и остаточное потребление корма. Также индекс пересчитан не только по удельному весу признаков, но и по их относительному акценту (таблица 7).

Таблица 7 – Структура селекционного индекса LNM\$ с 2021 г.

(P. M. VanRaden, 2021)

Признак	Единица	Вес, %	Относительный акцент, %
Удой	Фунт	0,3	0,3
Жир	Фунт	21,8	28,6
Белок	Фунт	17,0	19,6
Сводная оценка массы тела	Балл	–9,4	–9,4
Остаточное потребление корма	Фунт	–12,4	–3,8
Содержание сомат. клеток	Log	–2,9	–2,8
Продуктивное долголетие	Месяц	15,1	15,9
Жизнеспособность	Процент	4,3	4,4
Жизнеспособность телок	Процент	0,8	0,5
Субиндекс здоровья	\$	1,7	1,2
Способность к отелу (субиндекс)	\$	2,8	2,9
Приближение первого отела	Дни	1,1	1,2
Индекс стельности дочерей	Процент	5,0	4,1
Оплодотворяемость телок	Процент	0,5	0,4
Оплодотворяемость коров	Процент	1,2	1,0
Сводная оценка вымени	Балл	3,1	3,4
Сводная оценка конечностей	Балл	0,5	0,4

*CM\$ (Cheese merit)* – индекс прибыли по сыру (Общенациональный экономический индекс США). Рассчитывается Советом по селекции молочных пород КРС США (CDCB). Прогнозирует чистую прибыль от производства сыра, получаемую от среднестатистической дочери быка на протяжении ее жизни. В производстве сыра белок ценится выше, чем на рынке питьевого молока, поэтому ему уделено больше внимания в структуре индекса (таблица 8) (P. M. VanRaden, 2004; P. M. VanRaden, 2005).

Таблица 8 – Структура селекционного индекса CM\$ с 2021 г.  
(P. M. VanRaden, 2021)

Признак	Единица	Относительный акцент, %
Удой	Фунт	-2,2
Жир	Фунт	27,2
Белок	Фунт	20,9
Сводная оценка массы тела	Балл	-8,9
Остаточное потребление корма	Фунт	-3,6
Содержание сомат. клеток	Log	-3,5
Продуктивное долголетие	Месяц	15,1
Жизнеспособность	Процент	4,2
Жизнеспособность телок	Процент	0,5
Субиндекс здоровья	\$	1,2
Способность к отелу (субиндекс)	\$	2,7
Приближение первого отела	Дни	1,1
Индекс стельности дочерей	Процент	3,9
Оплодотворяемость телок	Процент	0,4
Оплодотворяемость коров	Процент	0,9
Сводная оценка вымени	Балл	3,2
Сводная оценка конечностей	Балл	0,4

*Total Performance Index (TPI)* является одним из наиболее известных и используемых селекционных индексов в молочном животноводстве (S. König, H. N. Swalve, 2009). Этот индекс был разработан Голштинской Ассоциацией

США (Holstein Association USA) для оценки и улучшения генетического потенциала молочного скота. Структура ТРІ представлена в таблице 9.

Таблица 9 – Структура селекционного индекса ТРІ с 2021 г.

(Р. М. VanRaden, 2021)

Признак	Единица	Вес, %
Жир	Фунт	19
Белок	Фунт	19
Эффективность корма	\$	8
Содержание сомат. клеток	Log	-4
Продуктивное долголетие	Месяц	5
Жизнеспособность	Процент	3
Субиндекс здоровья	Балл	2
Субиндекс фертильности	Балл	13
Легкость отела дочерей	Процент	-0,5
Мертворожденность по дочерям	Процент	-1,5
Тип	Балл	8
Сводная оценка конечностей	Балл	6
Сводная оценка вымени	Балл	11

ТРІ включает в себя множество компонентов, которые отражают как продуктивность, так и здоровье, и экстерьер животных.

Таким образом, система оценки племенных качеств КРС, разработанная CDCB, основана на многолетних исследованиях и достижениях в области генетики и технологий. Включение в оценку таких признаков, как продуктивность, здоровье и фертильность, а также использование методов корреляции и прогнозирования позволяют создавать эффективные селекционные индексы, способствующие улучшению генетического потенциала молочного скота и оптимизации селекционных программ. Индекс пожизненной прибыли (LNМ\$) оценивает ожидаемую дополнительную прибыль дочерей коров и регулярно обновляется с учетом изменений в экономической значимости признаков. С течением времени структу-

ра и весовые коэффициенты индекса изменялись, включая новые признаки, такие как продуктивное долголетие, фертильность и устойчивость к заболеваниям. Другие индексы, такие как Cheese Merit (CM\$) и Total Performance Index (TPI), ориентированы на специфические цели, такие как производство сыра и общую продуктивность, здоровье и экстерьер животных. При использовании данных индексов и признаков в отечественных программах разведения (в частности, голштинской породы) необходимо учитывать экономику производства молока и делать акцент на приоритетные признаки

### **1.3 Развитие геномной индексной селекции в молочном скотоводстве**

Комплексная оценка качественных характеристик генетического потенциала породных ресурсов основывается на методах племенного учета, разработанных в ВИЖ под руководством академика Л. К. Эрнста в 1960-х гг. с использованием интегрированной информационной системы «СЕЛЭКС» (селекция, экономика, система). На базе многолетних исследований были созданы теоретические основы крупномасштабной селекции в молочном скотоводстве, включающие комплекс мероприятий, направленных на объединение селекции, искусственного осеменения, управления воспроизводством и сохранение генетического разнообразия животных (Д. С. Нардин, А. И. Малинина, 2015).

В настоящее время благодаря методам популяционной генетики и массовому анализу генетической информации по ведущим породам с помощью математических моделей, разработаны и внедрены точные методы генетической оценки быков и отбора улучшателей. Это позволило быстрее разводить новые высокопродуктивные линии молочного скота и повысить продуктивный потенциал племенных животных. Кроме того, «СЕЛЭКС» позволяет контролировать изменения в породной структуре и качественные преобразования скота на региональном и федеральном уровнях. Длительное использование «СЕЛЭКС» в условиях производства подтверждает ее высокую эффективность, демонстрируя необходи-

мость в племенной работе и в решении задач, связанных не только с оценкой состояния, но и с планированием развития отечественного скотоводства.

Однако в Российской Федерации отсутствует единая референтная база скота, и племенная ценность животных оценивается по качеству потомства традиционным методом, который не всегда достоверен. Это может приводить к неточным данным и необоснованной выбраковке животных.

*Проект геномной оценки в Удмуртии.* Проект геномной селекции в молочном скотоводстве Удмуртии длится уже 2,5 года. Ключевыми партнерами проекта являются Министерство сельского хозяйства Удмуртии и ООО «Ксивелью». В проекте участвуют 14 племенных хозяйств, две станции искусственного осеменения, и генотипировано более 15 000 животных. Селекционеры используют геномные данные для отбора животных, обеспечивая высокую генетическую сочетаемость и здоровую популяцию (Геномная оценка племенной ценности..., 2024).

Первый индекс, представленный в 2021 г., включал такие оценки, как удой за 305 дней лактации, жир, белок и продуктивное долголетие. В обновленную версию добавились оценки межотёльного интервала, фертильности молодняка и фертильности коров, что позволяет точнее ранжировать животных и учитывать не только продуктивность, но и репродуктивные показатели. Такой подход снижает расходы на осеменение и улучшает экономическую эффективность.

В ближайшие один–два года планируется добавление линейных признаков в индекс.

Индекс хорошо коррелирует с показателями продуктивности, такими как удой (0,74) и компоненты молока (0,75).

Разработана экономическая модель, учитывающую все аспекты хозяйственной деятельности, от выручки за молоко до затрат на кормление и осеменение. Этот подход делает модель более гибкой и позволяет точнее рассчитывать прибыльность.

На сегодняшний день данная референтная база включает более 500 000 фенотипов и почти 31 000 генотипов.

*Проект по созданию национальной референтной базы.* Компании «Иннопрактика», «Мираторг» и «Агроплем» сформировали консорциум с целью разработки национальной системы оценки племенных качеств молочного скота (Разработана система оценки крупного..., 2024).

Основные направления работы «Иннопрактика» – научное и экспертное сопровождение проекта, подготовка предложений по изменению нормативной базы, разработка стратегических документов для развития отрасли.

В задачи ООО «Мираторг-генетика» входит обеспечение данных генотипирования на базе инновационного центра геномной селекции; участие в расчетах и анализе данных биоинформатиками.

АО «Агроплем» осуществляет расчет геномной оценки племенных качеств на основе собственной базы данных о молочной продуктивности, собранной за три года работы.

Цель проекта – повышение эффективности селекции за счет внедрения отечественной системы геномной оценки.

Задачи проекта: скоординированная работа всех участников отрасли; систематические исследования и внедрение данных в процесс управления стадом; снижение рисков заболеваний и негативных признаков при подборе пар; сбор данных о каждом племенном животном, включая генетику, рацион и условия содержания; использование специальных алгоритмов для анализа данных и принятия решений.

К концу 2023 г. в рамках проекта проведено исследование 19 000 образцов КРС голштинской и айрширской пород. Завершение наполнения базы и отбор ИИ-алгоритмов в рамках проекта планируется к 2026 г.

Таким образом, отечественные разработки в области геномной индексной селекции направлены на повышение эффективности селекции молочного скота в России. Использование системы «СЕЛЭКС» позволяет интегрировать генетическую оценку и управление воспроизводством, что способствует улучшению породных ресурсов. Проект в Удмуртии и национальная референтная база, создаваемая консорциумом компаний, направлены на внедрение геномной оценки, что способствует более точному отбору животных и повышению их продуктивности.

Эти усилия помогают снизить зависимость от импортных технологий и улучшить экономические показатели российского животноводства.

\* \* \*

Развитие селекционных индексов и геномной селекции в молочном скотоводстве прошло длительный путь, начиная с первых попыток систематизации генетических данных и заканчивая созданием комплексных индексов, которые позволяют эффективно оценивать и отбирать животных для разведения. В основе современных селекционных индексов лежат методы многомерного анализа, учитывающие множество факторов. Эти индексы постоянно обновляются с учетом новых данных и меняющихся экономических условий. В частности, Lifetime Net Merit (LNM\$), Cheese Merit (CM\$) и Total Performance Index (TPI), демонстрируют, как изменялись приоритеты в молочном скотоводстве за последние десятилетия. С течением времени в индекс были добавлены новые признаки, такие как содержание белка, продуктивное долголетие, соматические клетки и другие. Эти изменения позволили более точно оценивать генетический потенциал животных, учитывая не только их продуктивные показатели, но и здоровье, устойчивость к заболеваниям и репродуктивные качества. Это позволило существенно повысить точность прогнозов и улучшить экономическую эффективность сельскохозяйственных предприятий. Например, добавление в индекс LNM\$ параметров, связанных с репродуктивными качествами, позволило снизить расходы на осеменение и увеличить продуктивный срок жизни коров

В России геномная селекция также развивается, и одной из ключевых платформ для этого стала информационная система «СЕЛЭКС». Она интегрирует данные о генетическом потенциале животных, результаты племенной работы и экономические показатели, что позволяет комплексно управлять селекционным процессом на всех уровнях — от отдельных хозяйств до региональных и федеральных программ.

Однако в России до сих пор отсутствует единая референтная база данных, что ограничивает возможности точной геномной оценки животных. Это может привести к неточным результатам и необоснованной выбраковке. Создание об-

новленного индекса, включающего показатели фертильности и продуктивного долголетия, позволило улучшить экономическую эффективность селекционной работы.

Другим важным шагом в развитии отечественной геномной селекции стал проект по созданию национальной референтной базы. Этот проект объединяет усилия нескольких крупных компаний и направлен на разработку системы геномной оценки племенных качеств молочного скота. Создание национальной референтной базы и внедрение геномной селекции на всех уровнях позволит значительно сократить зависимость от импортных технологий и повысить конкурентоспособность отечественного молочного скотоводства.

Таким образом, селекционные индексы и геномная селекция являются ключевыми инструментами в развитии молочного скотоводства. Исторический опыт США показывает, что постоянное обновление индексов и учет новых генетических данных позволяет значительно улучшить показатели продуктивности и экономической эффективности. В России, несмотря на отсутствие единой референтной базы, уже предпринимаются серьезные шаги в направлении внедрения геномной селекции, что должно привести к значительному улучшению показателей продуктивности и здоровья животных, а также экономической устойчивости отрасли. Поэтому наряду с развитием отечественных программ важно использовать все доступные инструменты генотипирования и международные базы данных.

Перспективы дальнейшего развития геномной селекции в России связаны с созданием национальной системы оценки племенных качеств, которая позволит не только повысить точность генетической оценки животных, но и улучшить управление стадом и обеспечить устойчивое развитие молочного скотоводства.

## 2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Исследования проводились в период с 2020 по 2024 гг. на кафедре биотехнологии, биохимии и биофизики ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет имени И. Т. Трубилина». Опыты на животных проводили в ООО «Урожай XXI век» в тот же период. Полученные результаты геномной оценки признаков позволили провести анализ их корреляции с фактическими показателями продуктивности; сделать вывод о возможности использования международной референтной базы; установить достоверность прогноза племенной ценности потомства по данным генотипирования родителей; установить взаимосвязь полиморфизмов генов CSN2, CSN3, LGB с результатами геномной оценки признаков; разработать систему выделения селекционных групп. Схема исследований представлена на рисунке 1.

Объектом исследования являлись телки и первотелки голштинской породы разных линий, принадлежащие хозяйству ООО «Урожай XXI век» (Краснодарский край, Брюховецкий район). Животные в рамках одного календарного года имели равные условия содержания и кормления (таблицы 10, 11).

Таблица 10 – Рацион для коров

Показатель	Кормосмесь		
	дойные	сухостой 1	сухостой 2
Комбикорм № 1, кг	13,34	–	–
Комбикорм № 2, кг	–	2,04	–
Комбикорм № 3, кг	–	–	3,79
Солома пшеничная, кг	–	3,5	1,3
Сено люцерны, кг	2,5	3,24	1,56
Силос кукурузный, кг	14,82	6,96	11,18
Сенаж люцерновый, кг	4,00	–	2,00
Итого, кг	34,66	15,74	19,83

Материалом для генотипирования послужили ушные выщипы и образцы крови животных, для анализа молочной продуктивности – данные, полученные

с помощью программы DairyComp305 и доильного зала «GEA». В исследованиях использованы молекулярно-генетические методы, а также проведен генетико-статистический анализ данных.

Таблица 11 – Состав кормовой смеси для фуражного поголовья

Состав концентрата	Комбикорм № 1 (дойные)	Комбикорм № 2	Комбикорм № 3
Кукуруза дробленая, г	1,31	0,59	1,55
Глютеновый корм, г	1,80	–	1,59
Ячмень, г	2,25	2,35	1,69
Жмых подсолнечный	–	1,33	–
Шрот подсолнечный	–	0,39	0,63
Жмых соевый (НТК)	1,13	0,78	1,48
Жом свекловичный сухой	0,30	–	–
ЭкоСоя	0,18	–	0,29
Премикс для телок № 477	–	–	–
БМВБ (дойные)	0,93	–	–
БМВБ № 3	–	–	1,14
Премикс П 61-1 (сухостой 1)	–	0,22	–
Отруби пшеничные	0,11	2,37	0,14
Соль	–	0,31	–
Итого	8,00	8,00	8,00

*Геномную оценку* проводили по 83-м хозяйственно-полезным признакам на основе базы генотипов и фенотипов голштинской породы CDCB в лаборатории Neogen (Великобритания). Всего получены результаты для 3 185 животных, среди которых 292 первотелки, закрывшие первую лактацию, и 757 родительских «триад» (генотипированные телка, отец, мать). Отбор проб осуществляли с помощью системы Alfex, состоящей из маркированного уникальным кодом контейнера и одноразовой иглы. Затем по ветеринарным требованиям Великобритании образцы обрабатывали при 73 °С в течение 30 мин.



Рисунок 1 – Схема исследования

Генотипирование проводилось в лаборатории с использованием ДНК-чипа Illumina Bovine65K (полный перечень SNP представлен на сайте производителя: [https://support.illumina.com/array/array\\_kits/bovinesnp50-beadchip-kit/downloads](https://support.illumina.com/array/array_kits/bovinesnp50-beadchip-kit/downloads)). Контроль качества проводили с помощью показателей Call Rate – >90 %, и MIF (Minor Allele Frequency / частота минорного аллеля) – >1%. В следствие этого в анализе было использовано 65 432 из 65 625 SNP, а также 3 185 из отобранных 3192 образцов прошли все этапы исследования.

Обработка данных и расчет геномной оценки показателей проводился в CDCB (США). Результаты выражаются в ППС – прогнозируемой передающей способности генетического потенциала животного потомству. Показатели определяются относительно среднего значения признака первотелок 2015 года рождения, входящих в референтную популяцию. Так, ППС удою 200 кг и ППС белка минус 0,19 %, означает, что потомство этого родителя получит генетический потенциал по процентному содержанию белка на 0,19 % меньше, чем в среднем по генетическому базису первотелок 2015 г. рождения (3,84 %). Средние значения генетического базиса представлены на cfqnt CDCB <https://webconnect.uscdcb.com/#/summary-stats/breed-means-bases-heterosis-inbreeding-regressions>.

В общем виде формула представлена ниже:

$$\text{ППС}_{\text{признака}} = \sum_{i=1}^n (\text{SNP}_i * b_i) + G\_Effect, \quad (1)$$

где  $\text{SNP}_i$  – эффект  $i$ -го SNP, связанного с признаком;

$b_i$  – весовой коэффициент для  $i$ -го SNP, который показывает его значимость в генетической оценке;

$G\_Effect$  – поправка на факторы окружающей среды и менеджмент, которые могут влиять на удои.

На основании ППС в CDCB рассчитывались различные селекционные индексы, в частности LNM\$ (P. M. VanRaden, 2021):

$$\text{LNM\$} = a_i * \text{ППС}_{\text{признака}}, \quad (2)$$

где LNM\$ – индекс пожизненной прибыли;

$a_i$  – экономический коэффициент признака, отражающий его экономическую значимость;

$\text{ППС}_{\text{признака}}$  – результат геномной оценки признака.

Результаты геномной оценки предоставлялись в формате Excel, а также на онлайн площадке [www.igenity.com](http://www.igenity.com). Итоговая достоверность оценки в среднем составила 72 %.

*Исследование генотипов CSN2 (GenBank № X14711), CSN3 (GenBank № AY380228), LGB (GenBank № X14710).* Данные о генотипах CSN3, LGB были получены по результатам геномной оценки. В стандартном перечне анализов лаборатории «Neogen» исследование гена CSN2 отсутствует. В связи с этим в лаборатории молекулярно-генетических исследований растений и животных ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ методом AS-PCR выполнили оценку полиморфизма CSN2 (OMIA 0020339913: A2 milk in Bos Taurus, g.87181619A>C) (А. Г. Коцаев, 2021).

*Выделение ДНК.* Сбор образцов проводили с помощью вакуумной системы, состоящей из одноразовой иглы, держателя и вакуумной пробирки, внутренние стенки которой обработаны антикоагулянтом ЭДТАЗ. Кровь отбирали из хвостовой вены в объеме 3 мл и транспортировали при температуре 0 °С. Хранение образцов осуществляли при температуре минус 78 °С. Для выделения ДНК использовали коммерческий набор «Diatom™ DNA Prep 100» ООО Лаборатория «Изоген» (г. Москва). Выход ДНК составлял 3–5 мкг/100 мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0. После проведения измерений, тотальная ДНК разбавлялась в деионизированной воде до концентрации 20 нг/мкл.

*Проведение полимеразной цепной реакции.* Полимеразная цепная реакция проводилась в амплификаторах ДТ-322, компании «ДНК-Технология», Applied Biosystems и Bio-Rad. Полиморфные варианты гена CSN2 определяли с помощью аллель-специфической полимеразной цепной реакции (AS-PCR), используя соответствующие праймеры (А. F. Keating et al., 2008; А. М. Darwish et al., 2018; М. Firouzamandi et al., 2018).

Для амплификации фрагментов аллелей гена CSN2 в первом цикле денатурация была удлинена до двух минут, последний цикл проходил при температуре 72 °С в течение пяти минут для полной достройки матрично-праймерных комплексов (таблица 12).

Таблица 12 – Нуклеотидные последовательности использованных в работе праймеров

Название	Последовательность (5'-3')	Тип ПЦР
Forward	GCCCAGATGAGAGAAGTGAGG	AS-PCR
Revers (A1)	GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAT	AS-PCR
Revers (A2)	GATGTTTTGTGGGAGGCTGTTAG	AS-PCR

Состав реакционной смеси для AS-PCR указан в таблице 13. Для идентификации каждой аллели реакцию по одному образцу проводили в двух пробирках.

Таблица 13 – Состав реакционной смеси AS-PCR для амплификации фрагментов аллелей гена бета-казеина

Название компонента	Объем компонентов, мкл	
	A1	A2
Вода	17,8	17,8
Праймер Forward	1	1
Праймер Revers (A1)	1	–
Праймер Revers (A2)	–	1
Дезоксирибонуклеотидтрифосфаты, 2,5 мМ	0,4	0,4
10x SE буфер	2,5	2,5
Тaq-полимераза с MgCl <sub>2</sub>	0,3	0,3
ДНК	2	2

При проведении AS-PCR использовались следующие параметры амплификации (M. Firouzamandi et al., 2018):

95 °С – начальная денатурация, 2 мин;

далее 30 циклов:

95 °С – денатурация, 1 мин;

58 °С – отжиг праймеров, 1 мин;

72 °С – элонгация, 1 мин;

после чего дополнительный шаг:

72 °С – финальная элонгация, 5 мин.

*Проверка наличия амплифицированных фрагментов (ДНК-бендов).* Молекулярный вес продуктов ПЦР, определяли с помощью горизонтального электрофореза в агарозном 2%-м геле с использованием пятикратного трис-боратного буфера (ТВЕ имеет состав: 54 г Трис-НСI; 27,5 г борная кислота; 2 мл 0,5 М ЭДТА, рН 8,0, доводили дистиллированной водой до одного литра).

После смешивания компонентов гель нагревали до кипения и оставляли в термостате на два часа при температуре 50 °С, чтобы молекулы полисахарида сформировали однородную решетку геля.

Образцы ДНК смешивали с буфером для нанесения проб, содержащим 50 % глицерина, 50 % ТАЕ-буфера и 0,025 % бромфенолового синего. Смешанные пробы вносили в лунки геля под электрофорезный буфер. Электрофорез обычно вели в камере для горизонтального электрофореза компании «Helicon». Параметры гель-электрофореза были выбраны следующие: 150V, 150А, в течение 20 мин. Далее агарозные пластины фотографировались в ультрафиолетовом свете и неудачные образцы ПЦР отмечались для повторного проведения амплификации.

*Биометрическая обработка данных* проведена с использованием программы Microsoft Office Excel 2016 с расчетом основных селекционно-генетических параметров и коэффициентов.

Определение достоверности разницы между исследуемыми значениями проводились с помощью критерия  $\chi^2$  при 5%-м уровне значимости.

Частота встречаемости генотипов определяли по формуле (П. С. Катмаков, В. П. Гавриленко, А. В. Бушов, 2019):

$$P_i = \frac{n_i}{N}, \quad (1)$$

где  $P_i$  – частота определения  $i$ -генотипа;

$n_i$  – количество особей, имеющих определённый генотип,

$N$  – количество особей в выборке.

Частоту аллелей рассчитывали по формулам:

$$P_A = \frac{2n_{AA} + n_{AB}}{2N}; \quad P_B = \frac{2n_{BB} + n_{AB}}{2N}, \quad (2)$$

где  $n_{AA}$ ,  $n_{BB}$  – количество животных с гомозиготными генотипами по локусу исследуемого гена;

$n_{AB}$  – количество животных с гетерозиготными генотипами по данному локусу.

Ранжирование животных по племенной ценности проводили с помощью программы Sort Gate на основе данных геномной оценки.

Минимальный размер выборки, при которой сохранялись бы показатели вариабельности рассчитывали с помощью формулы:

$$n = \frac{t^2 \sigma^2 N}{\Delta^2 N + t^2 \sigma^2}, \quad (3)$$

где  $t^2$  – коэффициент доверия, рассчитанный на основе функции Лапласа;

$\sigma^2$  – стандартное отклонение;

$\Delta^2$  – доверительный интервал.

Среднюю абсолютную ошибку прогноза (MAPE / Mean absolute percentage error) в процентах рассчитывали по формуле:

$$MAPE = \frac{1}{N} * \sum \frac{\text{факт}(i) - \text{прогноз}(i)}{\text{прогноз}(i)} * 100; \quad (4)$$

где  $N$  – количество особей в выборке;

прогноз( $i$ ) – прогнозируемое значение признака в родительской паре;

факт( $i$ ) – значение признака потомства в родительской паре по результатам геномной оценки.

Оценку достоверности результатов исследований проводили с помощью однофакторного дисперсионного анализа.

Проверку результатов исследования на нормальность проводили с помощью теста Колмогорова–Смирнова и с визуализацией результатов в формате графиков Q–Q plot.

### 3 РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

#### 3.1 Генетико-математический анализ связи основных количественных признаков с продуктивностью молочного скота

Оценки наследственности и генетических корреляций являются важными популяционно-генетическими параметрами в исследованиях по разведению животных и разработке программ селекции (E. Missanjo, V. Imbayarwo-Chikosi, T. Halimani, 2013). Генетическая корреляция может быть полезна для непрямого отбора, отбора в других условиях окружающей среды или при ведении селекции по нескольким признакам одновременно.

При масштабировании геномной селекции с использованием отечественных и международных референтных баз в программах разведения КРС необходимы исчерпывающие данные о характере взаимосвязи результатов геномной оценки с фактическими показателями.

В данном исследовании проведен генетико-математический анализ фактических показателей удоя за 305 дней лактации 292 первотелок и данных геномной оценки признаков в хозяйстве ООО «Урожай XXI век».

Были проведены ранжирование животных от большего к меньшему значению шести признаков и селекционного индекса (по результатам геномной оценки), а также структуризация животных в группы по квартилям (100–75 % – «IV кварт»; 74–50 % – «III кварт»; 49–25 % – «II кварт»; 24–0 % – «I кварт»). Для сформированных групп получены средние значения фактического удоя, проведена оценка достоверности различий между сложившимися группами, а также установлен уровень корреляции продуктивности с геномной оценкой следующих признаков:

1. Прогнозируемая передающая способность (ППС) удоя (кг).
2. ППС содержания белка (в процентах).
3. ППС содержания жира (в процентах).
4. ППС экономии корма (кг СВ за лактацию).

5. Индекс стельности дочерей (в процентах).

6. ППС продуктивного долголетия (в месяцах).

Также, в работе рассмотрена зависимость уровня продуктивности от значения сводного селекционного индекса пожизненной прибыли LNM\$, включающего в себя все перечисленные хозяйственно-полезные признаки.

### ***3.1.1 Корреляция геномной ППС удою и фактической продуктивности***

В проведенных ранее исследованиях зарубежных и отечественных авторов отмечена относительно высокая генетическая корреляция между надоем молока и выходом белка и жира (Н. В. Zaabza, А. В. Gara, В. Rekik, 2018). Их фенотипические корреляции составили 0,90 (удой и выход белка), 0,70 (удой и выход жира) и 0,74 (выход жира и выход белка).

Также обнаружены высокие положительные генетические корреляции между удоем и выходом белка (0,92), удоем и выходом жира (0,84), а также выходом белка и жира (0,88). Напротив, между удоем и процентным содержанием жира и белка были отрицательные фенотипические и генетические корреляции. Так, для удою и процентного содержания жира корреляция по фенотипу и генотипу составила минус 0,15 и минус 0,32 соответственно, а для удою и процентного содержания белка – минус 0,20 и минус 0,44 (L. Liu et al., 2020).

В рамках данной работы был изучен уровень корреляции результатов геномной оценки удою, процентного содержания белка и жира с фактическим уровнем продуктивности первотелок за 305 дней лактации.

На диаграмме рассеяния (рисунок 2) показана зависимость удою коров за 305 дней лактации (ось Y) от показателя ППС удою (ось X). Множество точек представляющие пару значений для одной коровы расположены вдоль восходящей линии тренда (пунктирная оранжевая линия), что свидетельствует о положительной корреляции между ППС удою и удоем за 305 дней лактации (при  $p < 0,05$ ,  $r = 0,49$ ). Чем выше значение ППС, тем, как правило, больше удою,

однако внешние факторы окружающей среды могут оказывать существенное влияние (Е. А Гырнец, 2023; А. Г. Коцаев, 2024).

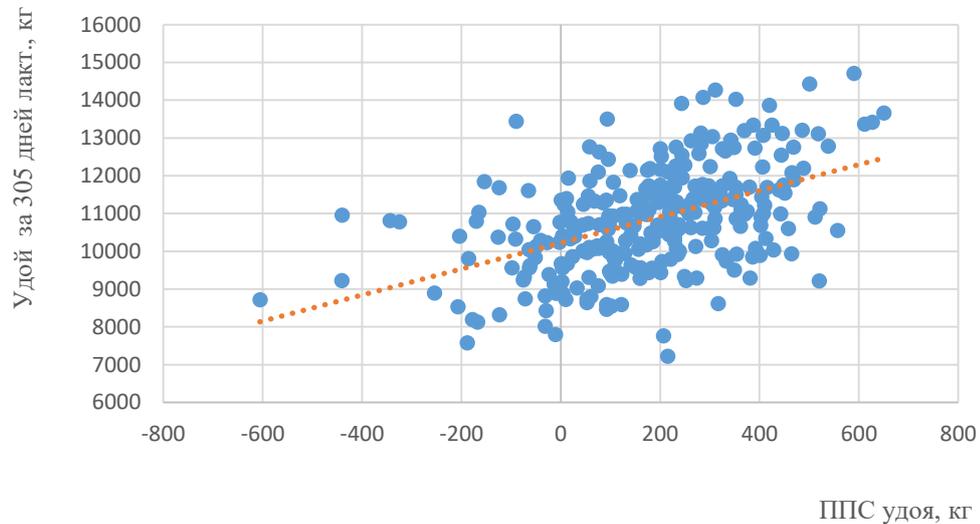


Рисунок 2 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и геномной ППС удою

Так, несмотря на наличие положительной корреляции, данные имеют достаточно большое рассеяние: большинство точек сосредоточено в диапазоне ППС от минус 200 до 400 кг, а удои варьируются в пределах от 7000 до 15000 кг. Это указывает на то, что в этой выборке наблюдаются значительные индивидуальные различия в удоях при схожих значениях ППС.

Дальнейшее распределение исследуемой группы первотелок по квартилям в зависимости от геномной ППС удою указало на значительную разницу в фактической продуктивности (таблица 14).

Таблица 14 – Описательная статистика показателей фактического удою первотелок в квартилях в зависимости от уровня ППС удою

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удою, кг	9 956 ± 259	10 639 ± 234	11 217 ± 305	11 670 ± 315
Медиана, кг	10 041	10 687	11 249	11 492
Стандартное отклонение	1 129	1 128	1 175	1 374

Средний удой первотелок с повышением квартиля геномного потенциала удоя увеличивается. Так, различие за 305 дней лактации между четвертым и третьим квартилем составило 453 кг молока, между четвертым и вторым – 1 031 кг, между четвертым и первым – 1 714 кг. Среднее различие между группами составило 571 кг.

Стоит отметить сходные медианное и среднее значения, что говорит в основном о симметричном распределении данных в выборке и отсутствии существенных выбросов.

Точность полученных результатов подтверждается доверительными интервалами, которые показывают допустимую погрешность в оценке среднего значения.

Однофакторный дисперсионный анализ подтвердил достоверность различий между квартилями при уровне значимости  $p < 0,01$  ( $F = 27,4$  при  $F$ -критическом = 2,6).

*Расчет взаимосвязи геномной ППС содержания белка и жира с фактической продуктивностью.* Большинство фенотипов молока являются количественными признаками и регулируются полигенно. Еще в 1994 г. исследование выявило, что QTL, ассоциированный с выходом жира, связан с каппа-казеином, а QTL для РУ связан с бета-лактоглобулином (Н. Vovenhuis, J. I. Weller, 1994). В последствии были обнаружены десятки и тысячи QTL в 30 хромосомах, связанных с 653 различными признаками у крупного рогатого скота. Однако, имеющихся данных о корреляции генетической оценки содержания компонентов молока с фактическими показателями продуктивности все еще недостаточно, чтобы дать полное обоснование включения геномного прогноза содержания жира и белка в селекционные стратегии (Н. Ю. Сафина, 2020; А. В. Харламов, В. А. Панин, В. И. Косилов, 2020).

На диаграмме рассеяния (рисунок 3) показана зависимость удоя коров за 305 дней лактации (ось Y) от показателя ППС белка (ось X). Множество точек представляющие пару значений для одной коровы расположены вдоль нисходящей линии тренда (пунктирная синяя линия), что свидетельствует о отрицатель-

ной корреляции между ППС белка и удоем за 305 дней лактации (при  $p < 0,05$ ,  $r = -0,34$ ). Чем выше значение ППС, тем, как правило, ниже удои, однако внешние факторы окружающей среды оказывают существенное влияние.

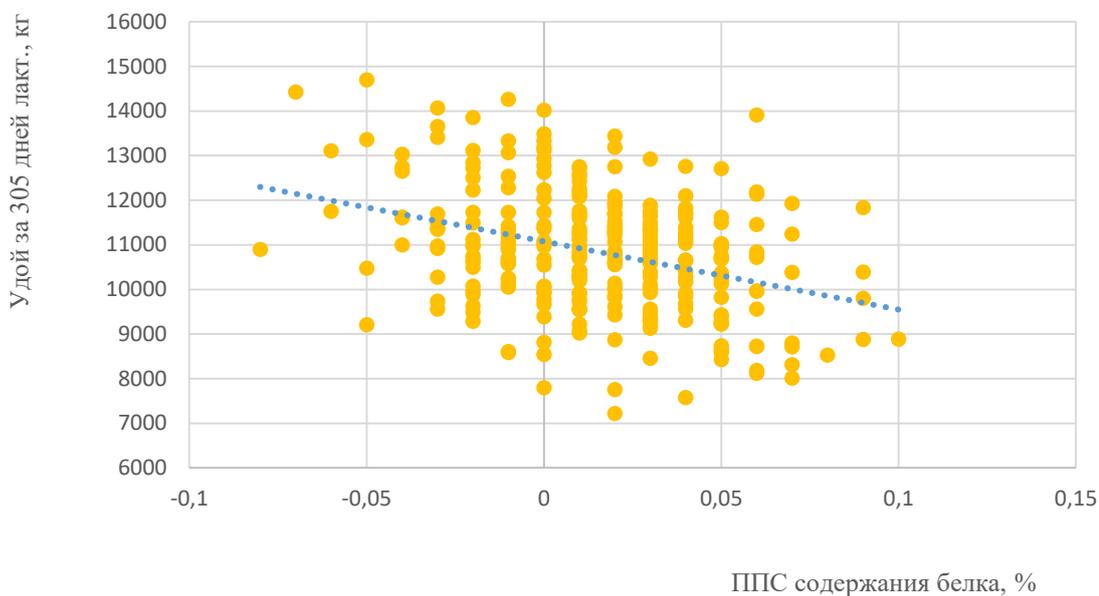


Рисунок 3 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и ППС содержания белка

Так, несмотря на наличие отрицательной корреляции, данные имеют достаточно большое рассеяние: большинство точек сосредоточено в диапазоне ППС от минус 0,1 до 0,1 кг, а удои варьируются в пределах от 7000 до 15 000 кг.

Распределение исследуемой группы первотелок по квартилям в зависимости от геномной ППС содержания белка, указало на имеющуюся разницу в фактических показателях удоя. Однако в отличие от геномной ППС удоя отмечена обратная зависимость между генетическим потенциалом по содержанию белка и фактической продуктивностью. Так, различие за 305 дней лактации между первым и вторым квартилем составило 426 кг молока, между первым и третьим – 807 кг, между первым и четвертым – 1 249 кг. Среднее различие между группами составило 416 кг (таблица 15). Медианные значения в квартилях также сходны со средними значениями.

Таблица 15 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квартилях в зависимости от уровня ППС содержания белка

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удой, кг	11 383 ± 323	10 957 ± 249	10 576 ± 262	10 134 ± 370
Медиана, кг	11 052	10 974	10 655	10 178
Стандартное отклонение	1 407	1 313	1 034	1 360

Однофакторный дисперсионный анализ подтвердил достоверность различий между квартилями при уровне значимости  $p < 0,01$  ( $F = 10,6$  при  $F$ -критическом = 2,6).

При исследовании взаимосвязи геномной ППС содержания жира и фактического удоя обнаружен сходный отрицательно направленный средний уровень корреляции (при  $p < 0,05$ )  $r = -0,30$  (рисунок 4).

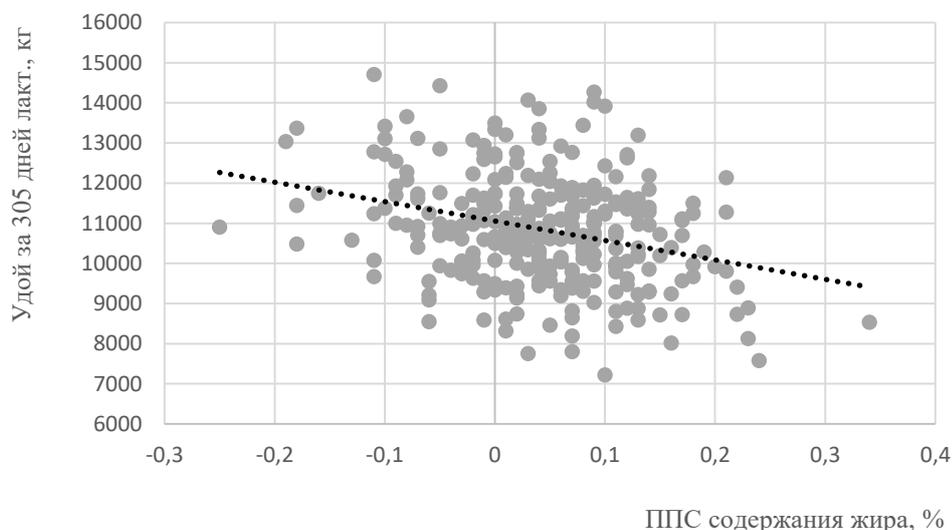


Рисунок 4 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и ППС содержания жира

Как и в случае с ППС содержания белка для генетического потенциала содержания жира и фактического удоя обратная зависимость выражается в значительном различии продуктивности животных разных квартилей. Так, за 305 дней лактации между первым и вторым квартилем разница составила 429 кг молока,

между первым и третьим – 500 кг, между первым и четвертым – 1 024 кг. Среднее различие между группами составило 314 кг (таблица 16).

Таблица 16 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квартилях в зависимости от уровня ППС содержания жира

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удой, кг	11 300 ± 281	10 871 ± 329	10 801 ± 306	10 276 ± 292
Медиана, кг	11 170	10 777	10 787	10 194
Стандартное отклонение	1 327	1 309	1 361	1 238

Однофакторный дисперсионный анализ подтвердил достоверность различий между квартилями при уровне значимости  $p < 0,01$  ( $F = 7,8$  при  $F$ -критическом = 2,6).

Полученные данные позволяют сделать вывод об обоснованности использования результатов геномной оценки ППС удоя, содержания белка и жира, так как выявленные уровни корреляции достоверно влияют на фактические показатели продуктивности. Однако при включении данных геномной оценки следуют учитывать направленность корреляции и формировать сбалансированную стратегию улучшения всех показателей продуктивности с помощью подбора быков (в частности индивидуальных закреплений) и индексной селекции.

### ***3.1.2 Корреляция геномной ППС экономии корма и фактической продуктивности***

Затраты на корма составляют почти половину переменных затрат на производство молочной продукции. Важность повышения эффективности кормления в последнее время возросла в связи с длительными периодами низких цен на молоко и большей обеспокоенностью общественности по поводу роли молочного производства в изменении климата через выбросы парниковых газов (Y. de Haas et al., 2017).

Термин «экономия корма» был предложен J. E. Pryce с соавторами (2015). Данный признак включает в себя остаточное потребление корма (характеризующее метаболическую эффективность усваиваемости кормов) и сводную оценку массы тела. Признак нацелен на снижение потребления кормов за счет дополнительного отбора коров меньшего размера и более эффективным метаболизмом, т. е. имеющих генетическую предрасположенность использовать или «сберегать» большую часть своего сухого вещества для производства молока. Учитывая сложность в точных измерениях потребления сухого вещества, на сегодняшний день расчет показателя при геномной оценке животных опирается на базу из ~7000 записей генотипа и фенотипа.

На сегодняшний день достоверность оценки экономии корма составляет в среднем 38 %, варьируя от 10 до 95 %. При этом средняя достоверность сводной оценки массы тела для голштинской породы составляет 77 %, а остаточного потребления корма – 12 %.

Таким образом, целью данного исследования стало изучение влияния селекционного отбора животных по геномной ППС экономии корма на фактический уровень продуктивности.

На диаграмме рассеяния (рисунок 5) показана зависимость удоя за 305 дней лактации (ось Y) от показателя ППС экономии корма (ось X). Отмечено, что точки распределены довольно хаотично, а линия тренда (пунктирная оранжевая линия) практически горизонтальна. Это указывает на слабую или отсутствующую корреляцию между ППС экономии корма и удоем за 305 дней лактации (при  $p < 0,05$ ,  $r = 0,05$ ). Точки разбросаны без четко выраженной тенденции, что также подтверждает слабую связь между переменными. Значения ППС экономии корма варьируются от минус 150 до плюс 150 кг, но удои в основном концентрируются в диапазоне от 9000 до 12000 кг. В целом, изменения в ППС экономии корма слабо связаны с изменениями в удоях. Это означает, что экономия корма не является значимым фактором в определении удоев коров по данной выборке.

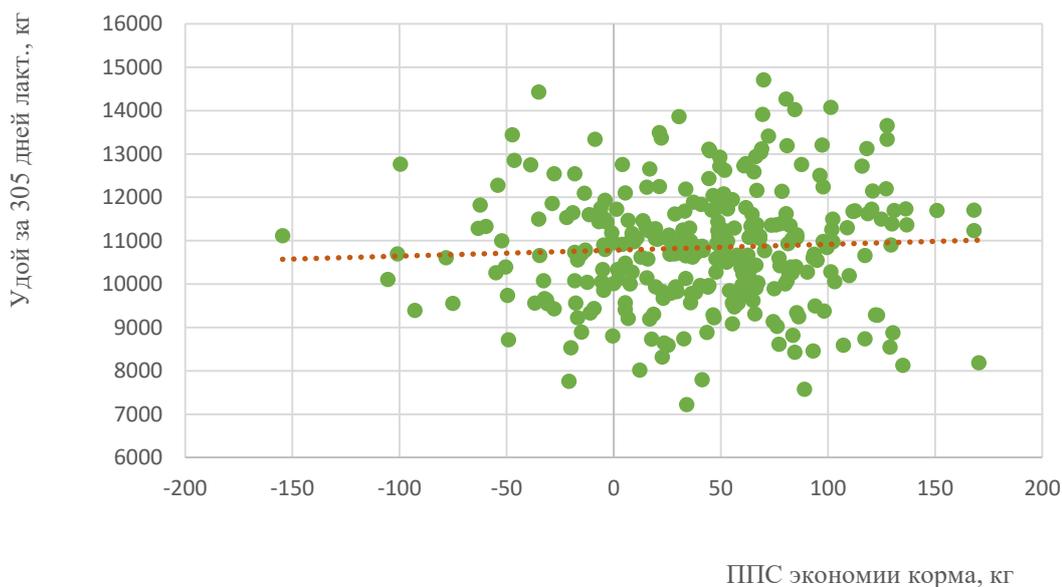


Рисунок 5 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и ППС экономии корма

Следует отметить, что при данном уровне корреляции однофакторный дисперсионный анализ не подтвердил достоверность различий между квантилями (в зависимости от геномной ППС экономии корма) при уровне значимости  $p < 0,05$  ( $F = 1,7$  при  $F$ -критическом = 2,6). Так, наибольший показатель среднего удоя соответствует третьему квантилю – 11 074 кг, наименьший второму квантилю – 10 600 кг (таблица 17).

Таблица 17 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квантилях в зависимости от уровня ППС экономии корма

Показатель	I квант	II квант	III квант	IV квант
Средний удой, кг	10 766 ± 296	10 600 ± 296	11 074 ± 294	10 920 ± 353
Медиана, кг	10 692	10 732	11 052	11 007
Стандартное отклонение	1 289	1 299	1 281	1 529

Слабый уровень взаимосвязи между ППС экономии корма и фактического удоя позволяют вести селекцию по снижению потребления корма без негативного влияния на показатели продуктивности.

### *3.1.3 Корреляция геномной ППС индекса стельности дочерей и фактической продуктивности*

Хорошая фертильность необходима для рентабельного молочного животноводства, однако ранее во многих регионах мира наблюдалось снижение репродуктивных показателей молочного скота (М. С. Lucy, 2001; К. Коуама, Т. Takahashi, 2020). Во многом это было обеспечено селекцией, сконцентрированной на повышении продуктивных качеств. После внедрения индексной селекции, в основе которой лежит акцент на здоровье и фертильность, а не только на молочную продуктивность. Поэтому, несмотря на то, что репродуктивные показатели часто демонстрируют генетический антагонизм с повышенной продуктивностью, на протяжении последних пятнадцати лет в голштинской породе наблюдается увеличение производства молока на корову и повышение фертильности (Н. D. Norman et al., 2009; R. C. Chebel, E. S. Ribeiro, 2016). Генетическая оценка по индексу стельности дочерей – была введена в США в 2003 г., а в дальнейшем стала учитываться отечественными хозяйствами при подборе импортных быков. Тенденция к снижению фертильности в США стабилизировалась в первый год, после внедрения признака в селекционные индексы. Признаки фертильности обычно характеризуются низкой наследуемостью у молочного скота (Z. Liu et al., 2008), поэтому эффекты направленной селекции проявляются через несколько поколений. Кроме того, К. А. Weigel (2006) указал, что отрицательная генетическая корреляция между удоем и фертильностью достаточно мала, чтобы обеспечить наличие быков, передающих дочерям одновременно высокие показатели продуктивности и фертильности.

В данном исследовании проведена оценка влияния геномной ППС индекса стельности дочерей на фактические показатели продуктивности первотелок. На диаграмме рассеяния (рисунок б) показана зависимость удоя за 305 дней лактации (ось Y) от показателя ППС индекса стельности дочерей (ось X).

Точки распределены хаотично, а линия тренда (пунктирная серая линия) с незначительным нисходящим наклоном, что указывает на слабую или отсут-

ствующую корреляцию между ППС индекса стельности и удоем за 305 дней лактации (при  $p < 0,05$ ,  $r = -0,07$ ). Точки разбросаны без четко выраженной тенденции, что также подтверждает слабую связь между переменными. Значения ППС варьируются от минус 1,7 до 1,1 %, но удои в основном концентрируются в диапазоне от 8000 до 13 000 кг. В целом, изменения в ППС индекса стельности дочерей слабо связаны с изменениями в удоях.

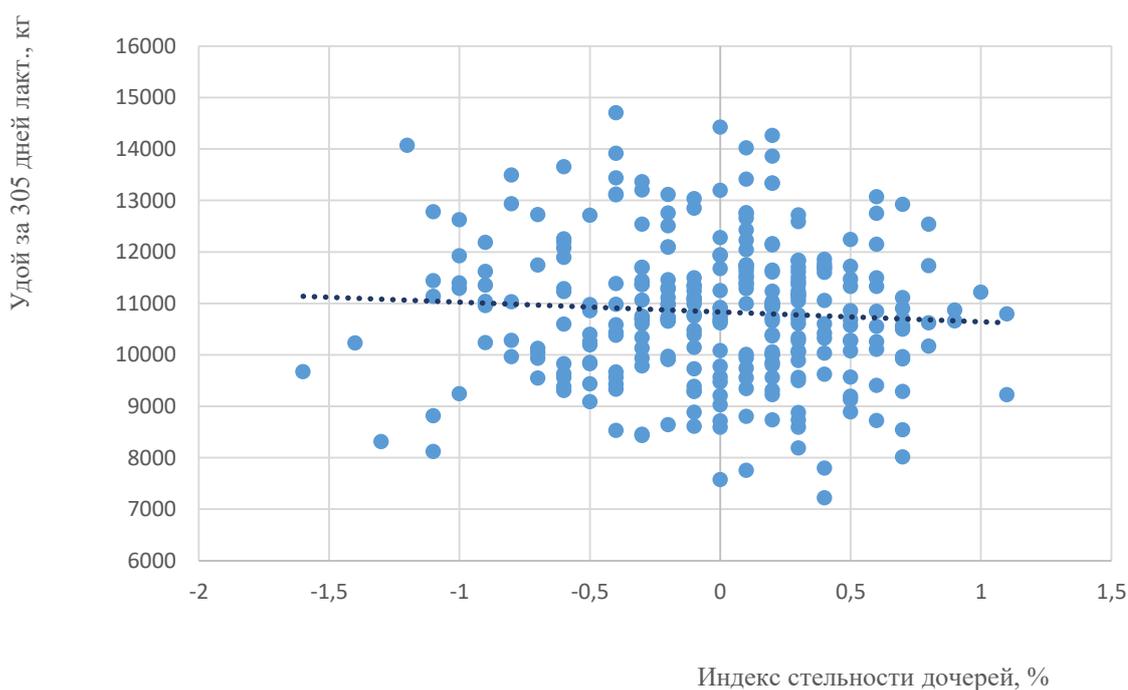


Рисунок 6 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и ППС индекса стельности дочерей

Следует отметить, что при данном уровне корреляции однофакторный дисперсионный анализ не подтвердил достоверность различий между квантилями при уровне значимости  $p < 0,05$  ( $F = 1,3$  при  $F$ -критическом = 2,6). Так, наибольший показатель среднего удоя соответствует третьему квантилю – 10 982 кг, наименьший четвертому квантилю – 10 565 кг (таблица 18).

Вероятно, низкая наследуемость признака ( $h^2 = 0,04$ ) требует значительно больший объем выборки для достижения достоверности рассчитываемых критериев.

Таблица 18 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квартилях в зависимости от уровня ППС индекса стельности

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удой, кг	10 941 ± 302	10 763 ± 318	10 982 ± 297	10 565 ± 319
Медиана, кг	10 858	10 775	11 047	10 608
Стандартное отклонение	1 453	1 297	1 366	1 241

Так, полученный уровень корреляции сходен с данными, рассчитанными для референтной популяции CDCB, вероятно, стратегия с использованием геномного значения ППС индекса стельности даст описываемый в литературе селекционный отклик.

### ***3.1.4 Корреляция геномной ППС продуктивного долголетия и фактической продуктивности***

На продолжительность продуктивной жизни коровы влияет множество факторов, включая внутренние (удой, здоровье, репродуктивный статус и репродуктивные показатели) и внешние (цена на молоко, переизбыток молодняка, стоимость рациона и др.) (A. De Vries, 2013).

Традиционно выбраковка классифицируется как добровольная или принудительная. Выбраковка является добровольной, когда коровы выбраковываются из-за низкой продуктивности и при отсутствии известных заболеваний. В противном случае выбраковка является вынужденной (Y. T. Gröhn et al., 2003). Большинство решений о выбраковке принимаются до того, как коровы достигают максимальной продуктивности, в первую очередь из-за снижения показателей фертильности, здоровья вымени и конечностей (Canadian Dairy Information Centre, 2020).

На сегодняшний день в геномной оценке по международной базе CDCB используется признак «продуктивное долголетие», определяющий время, в течение

которого коровы остаются коммерчески эффективными, избегая выбраковки (К. Alvåsen et al., 2018).

Продуктивное долголетие имеет положительную корреляцию с признаками устойчивости к заболеваниям, содержанию соматических клеток и др., что делает его ключевым признаком при селекции, направленной на повышение здоровья маточного поголовья.

Ввиду отсутствия стандартизированной методологии измерения продуктивного долголетия в российской системе оценки крупного рогатого скота необходимо установить взаимосвязь между фактической продуктивностью животных и геномной оценкой продуктивного долголетия, полученного по международной референтной базе.

Корреляционный анализ Пирсона показал незначительный отрицательно направленный уровень корреляции  $r = -0,04$  (рисунок 7). Рассеяние данных имеет сходную картину с графиком корреляции ППС индекса стельности дочерей.

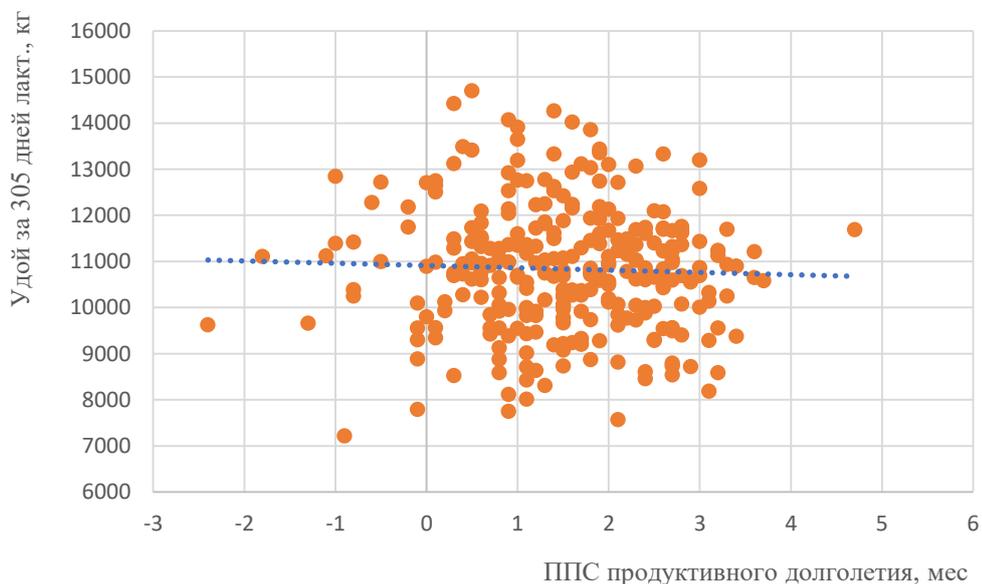


Рисунок 7 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и ППС продуктивного долголетия

Однофакторный дисперсионный анализ не подтвердил достоверность различий между квартилями при уровне значимости  $p < 0,05$  ( $F = 1,2$  при  $F$ -крити-

ческом = 2,6). Так, наибольший показатель среднего удоя соответствует третьему квартилю – 11 047 кг, наименьший четвертому квартилю – 10 615 кг (таблица 19).

Таблица 19 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квартилях в зависимости от уровня ППС продуктивного долголетия

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удой, кг	10 855 ± 314	10 834 ± 339	11 047 ± 307	10 615 ± 271
Медиана, кг	10 908	10 704	11 002	10 693
Стандартное отклонение	1 397	1 516	1 312	1 148

Стоит предположить, что при низкой наследуемости ( $h^2 = 0,08$ ) признака для достижения достоверной оценки корреляции и различий в квартилях необходим значительно больший объем выборки.

Так, полученный уровень корреляции сходен с данными, рассчитанными для референтной популяции CDCB, вероятно, стратегия с использованием геномного значения ППС индекса стельности даст описываемый в литературе селекционный отклик.

### ***3.1.5 Корреляция индекса пожизненной прибыли LNM\$ и фактической продуктивности***

Ввиду того, что индекс LNM\$ включает в себя все описанные выше признаки в разных весовых соотношениях, целью данного исследования стало изучения влияния селекционного отбора животных по геномной оценке индекса LNM\$ на фактический уровень продуктивности.

Анализ показал положительно направленный низкий уровень корреляции ППС экономии корма и удоя за 305 дней лактации (при  $p < 0,05$ )  $r = 0,08$  (рисунок 8).

Следует отметить, что при данном уровне корреляции однофакторный дисперсионный анализ не подтвердил достоверность различий между квартилями

(в зависимости от геномного значения индекса LNM\$) при уровне значимости  $p < 0,05$  ( $F = 2,3$  при  $F$ -критическом = 2,6). Так, наибольший показатель среднего удоя соответствует четвертому квартилю – 11 106 кг, наименьший третьему квартилю – 10 589 кг (таблица 20).

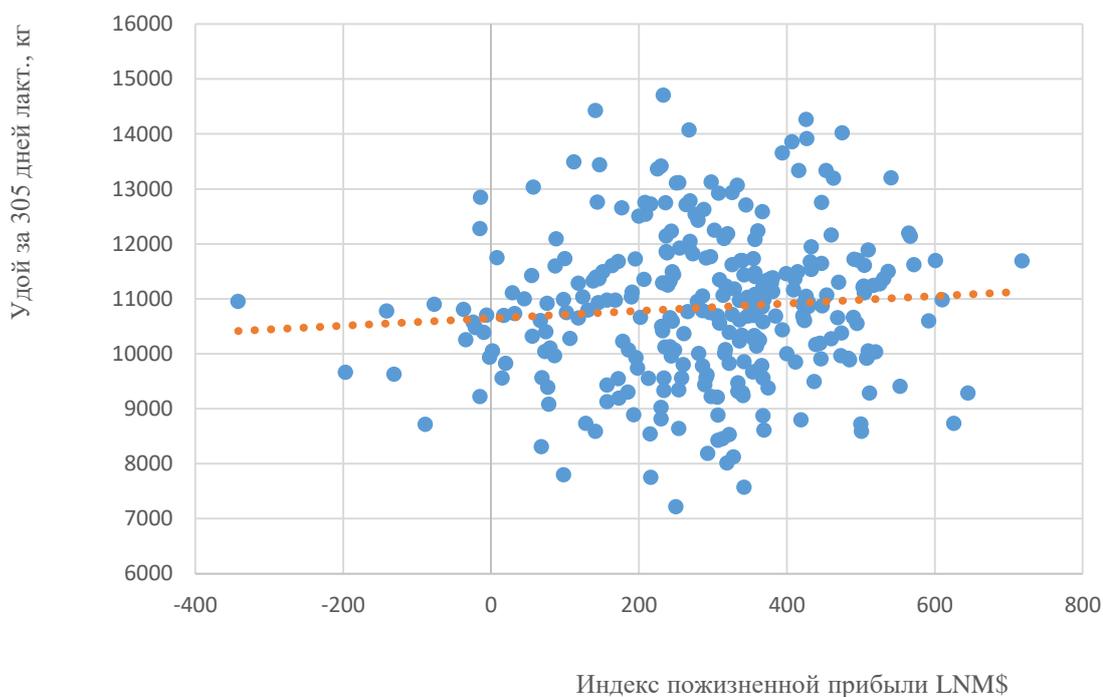


Рисунок 8 – Корреляция между фактическим уровнем продуктивности за 305 дней лактации и индекса LNM\$

Таблица 20 – Описательная статистика показателей фактического удоя первотелок в квартилях в зависимости от значения LNM\$

Показатель	I кварт	II кварт	III кварт	IV кварт
Средний удой, кг	10 683 ± 286	10 971 ± 358	10 589 ± 283	11 106 ± 301
Медиана, кг	10 730	10 869	10 696	11 066
Стандартное отклонение	1 248	1 572	1 227	1 311

В то же время, стандартная ошибка также варьируется, указывая на различия в разбросе значений удоев внутри каждой группы. Полученные данные позволяют предположить, что при корреляции 0,08 видимые различия и эффекты будут бо-

лее значимы при большем объеме выборки. Также, стоит отметить, что слабый уровень взаимосвязи индекса LNM\$ и фактического удоя согласуется с удельным весом этого признака в структуре индекса – всего 0,3 %.

Таким образом, наблюдается умеренно положительная корреляция между результатами геномной оценки удоя и фактическим уровнем продуктивности. Животные с более высоким значением ППС удоя часто демонстрируют выше средний удой за период лактации. Данная корреляция подтверждает целесообразность использования геномной оценки удоя в селекции для увеличения продуктивности.

Присутствует умеренно отрицательная корреляция между геномной оценкой содержания белка / жира и фактическим удоем, что может быть связано как с физиологическими, так и метаболическими особенностями. Данный фактор требует дополнительного внимания при формировании селекционной стратегии. При этом, наблюдаемые значительные индивидуальные различия в удоях при схожих значениях ППС белка и жира позволяют вести селекцию как на повышение продуктивности, так и на содержание компонентов молока.

Признак ППС экономии корма нацелен на снижение потребления кормов при сохранении продуктивных качеств. Он включает в себя остаточное потребление корма (характеризующее метаболическую эффективность усваиваемости кормов) и сводную оценку массы тела. Отмеченная нами слабая положительная корреляция между ППС экономии корма и фактическим удоем указывает на возможность ведения селекционной стратегии на снижения затрат на кормление без существенного снижения продуктивности.

Несмотря на то, что признаки фертильности и продуктивности обычно характеризуются низкой отрицательной генетической ( $-0,1$ ) и фенотипической ( $-0,23$ ) у молочного скота, эффекты их взаимодействия проявляются через несколько поколений. Полученный нами результат ( $-0,07$ ) сопоставим литературными данными, однако необходимо увеличение исследуемой выборки для повышения достоверности результатов.

Стоит отметить, что по литературным данным взаимосвязь ППС продуктивного долголетия с продуктивностью имеет положительный характер, а уровень генетической и фенотипической корреляции составляет 0,15 и 0,1 соответственно. Уровень корреляции ППС продуктивного долголетия с удоем в нашем исследовании отличается как по направленности, так и по значению ( $-0,04$ ), что требует дальнейшего углубленного изучения.

Таким образом, полученные результаты корреляции геномной оценки признаков и фактической продуктивности позволяют вести более сбалансированную селекционную работу, направленную на одновременное улучшение всего комплекса показателей.

### **3.2 Прогнозирование племенной ценности потомства на основе данных геномной оценки матерей и быков производителей**

Геномная оценка крупного рогатого скота помимо ранжирования поголовья в зависимости от уровня племенной ценности позволяет отслеживать направленность генетического прогресса и своевременно корректировать подбор быков на стаде. Так, в случае снижения ППС удоя или индекса стельности дочерей, необходимо закрепление группы быков с высокими значениями ППС признаков продуктивности или фертильности.

В связи с тем, что ключевые признаки продуктивности, здоровья и фертильности являются количественными признаками, определяющимися множеством генов (QTL), прогноз показателей потомства сводится к расчету среднего значения показателей родителей. Поэтому в работе рассмотрено соответствие прогнозируемых значений признаков, рассчитанных для потомства по геномным данным родителей, с фактической данными геномной оценкой.

За четыре года генотипирования молодняка хозяйства ООО «Урожай XXI век» собрана информация о геномных показателях 757 родительских «триад»: отец, мать, телка. Для каждой телки из «триады» составлен прогноз значения при-

знака по показателям родителей, а затем рассчитана разница между прогнозируемой и фактической геномной оценкой. Методами описательной статистики выявлена вариабельность отклонения прогнозируемых значений от фактических, а также определено минимальное значение выборки, сохраняющее точность прогноза среднего значения признака для группы из 757 гол.

Соответствие прогноза и фактических результатов геномной оценки оценивалось для следующих признаков:

1. Значение селекционного индекса пожизненной прибыли LNM\$.
2. ППС удоя (кг).
3. ППС содержания белка (в процентах).
4. ППС содержания жира (в процентах).
5. ППС экономии корма (кг СВ за лактацию).
6. Индекс стельности дочерей (в процентах).
7. ППС продуктивного долголетия (в месяцах).

*Селекционный индекс пожизненной прибыли LNM\$.* Уровень корреляции прогнозируемого и геномного значения селекционного индекса LNM\$ составил 0,83 – сильная положительно направленная корреляция (рисунок 9). Данные имеют рассеяние, однако как фактические, так и прогнозируемые значения в основном концентрируются 400–800\$.

Отклонение прогнозируемого среднего значения индекса LNM\$, рассчитанного для всей выборки от значения, полученного с помощью генотипирования, составило всего  $3 \pm 5,6$ \$ (таблица 21). Положительное значение указывает на то, что в среднем фактические значения оказались немного выше прогнозируемых. Медианная разница также составляет 3 и подтверждает симметричность отклонений вокруг среднего значения. Стандартная ошибка и доверительный интервал указывают на высокой точности оценки среднего значения. В среднем, прогнозируемые значения LNM\$ оказались довольно близкими к фактическим значениям, однако значительное стандартное отклонение (78,6) и большие экстремальные отклонения (от минус 247 до 258) указывают на наличие существенных вариаций в отдельных случаях (А. Г. Коцаев, 2024).

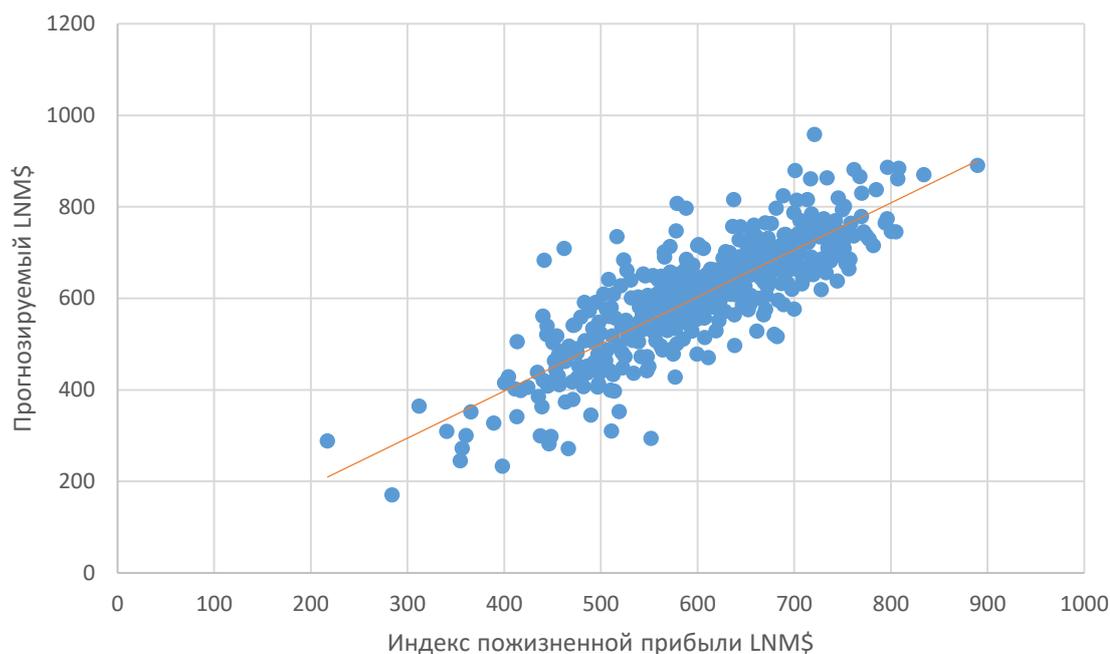


Рисунок 9 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением индекса пожизненной прибыли LNM\$

Таблица 21 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения индекса пожизненной прибыли LNM\$ от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
Прогнозируемое среднее значение LNM\$	612
Среднее значение по результатам геномной оценки LNM\$	615
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	3
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	0,5
Стандартная ошибка	2,9
Медианная разница	3
Мода	14
Стандартное отклонение	78,6
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	5,6
Максимальная отрицательная разница	- 247
Максимальная положительная разница	258
Выборка	757

*ППС удоля.* Корреляция прогнозируемого и геномного значения ППС удоля составила 0,66 – средняя положительно направленная корреляция (рисунок 10). Данные имеют средний уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от 0 до 800 кг, а фактических – от 100 до 600 кг. Отклонение среднего прогнозируемого значения ППС удоля выборки от значения, полученного с помощью генотипирования, составило  $-9 \pm 10$  кг (таблица 22). В среднем, прогнозируемое значение ППС удоля оказалось немного выше фактического. Однако высокое стандартное отклонение (147 кг) и значительные экстремальные отклонения (от минус 459 до 490 кг) указывают на наличие значительных вариаций между прогнозом и фактическими данными.

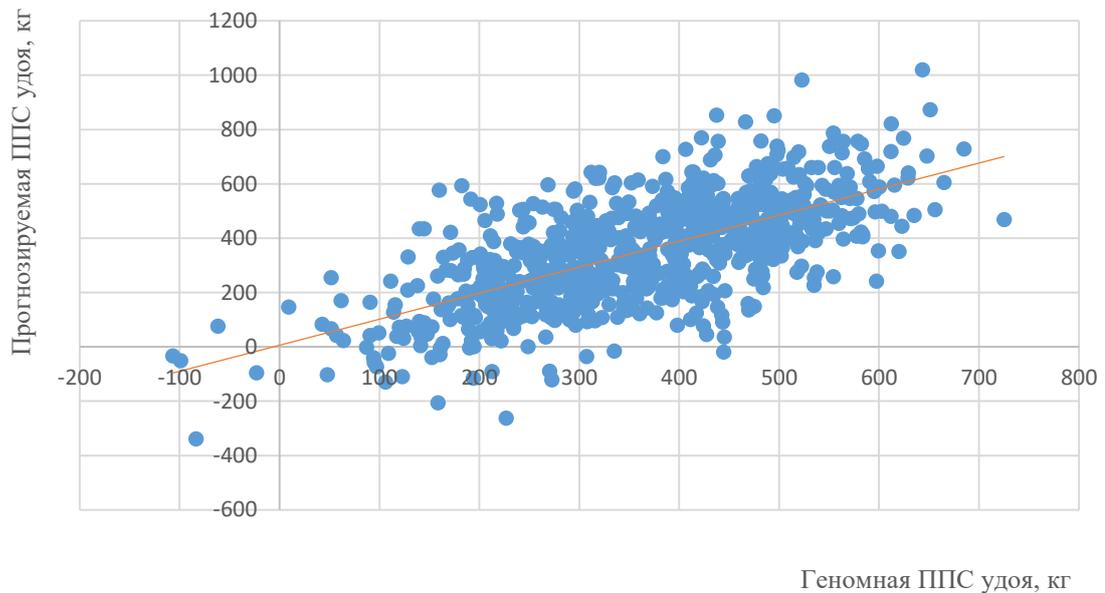


Рисунок 10 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС удоля

Таблица 22 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС удоля от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
1	2
Прогнозируемое среднее значение ППС удоля, кг	360
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС удоля, кг	351

Продолжение таблицы 22

1	2
Разница прогнозируемого значения и подтвержденного	
Средняя разница	– 9
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	2,5
Стандартная ошибка	5
Медианная разница	– 10
Мода	159
Стандартное отклонение	147
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	10
Максимальная отрицательная разница	– 459
Максимальная положительная разница	490
Выборка	757

Несмотря на это, стандартная ошибка и доверительный интервал указывают на высокую точность оценки средней разницы, что свидетельствует о высокой надежности средних прогнозов, хотя индивидуальные отклонения могут быть значительными (Е. А. Гырнец, 2024).

*ППС содержания белка.* Уровень корреляции прогнозируемой и геномной ППС содержания белка составил 0,64 – средняя положительная корреляция (рисунки 11). Данные имеют средний уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от минус 0,05 до 0,1 %, а фактических – от минус 0,02 до 0,07 %.

В среднем, прогнозируемые значения содержания белка незначительно ниже фактических результаты, что подтверждается средней разницей в 0,004 % (таблица 23). Небольшое стандартное отклонение и стандартная ошибка указывают на достаточную точность и надежность прогнозов. При этом мода в 0,00 % показывает, что в некоторых случаях прогнозы полностью совпадали с фактическими значениями.

Максимальные отклонения (как в положительную, так и в отрицательную сторону) находятся в пределах  $\pm 0,08$  %. Как и в случае предыдущих признаков

в отдельных родительских «триад» возможны значительные расхождения между прогнозом и фактом.

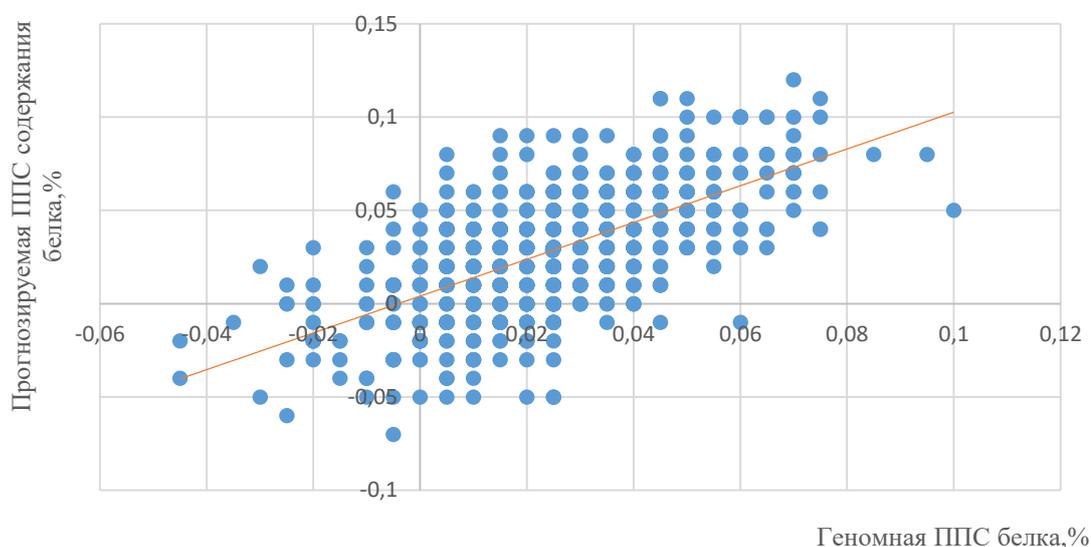


Рисунок 11 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС содержания белка

Таблица 23 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС содержания белка от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
Прогнозируемое среднее значение ППС содержания белка, %	0,026
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС содержания белка, %	0,03
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	0,004
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	15
Стандартная ошибка	0,001
Медианная разница	0,01
Мода	0,00
Стандартное отклонение	0,02
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	0,002
Максимальная отрицательная разница	- 0,08
Максимальная положительная разница	0,08
Выборка	757

В целом, результаты показывают, что модели прогнозирования ППС содержания белка работают достаточно точно, хотя иногда могут возникать значительные отклонения в отдельных случаях (Е. А. Гырнец, 2024).

*ППС содержания жира.* Уровень корреляции прогнозируемого и геномного значения ППС содержания жира составил 0,67 – средняя положительно направленная корреляция (рисунок 12). Данные имеют средний уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от минус 0,04 до 0,1 %, а фактических – от 0,01 до 0,16 %.

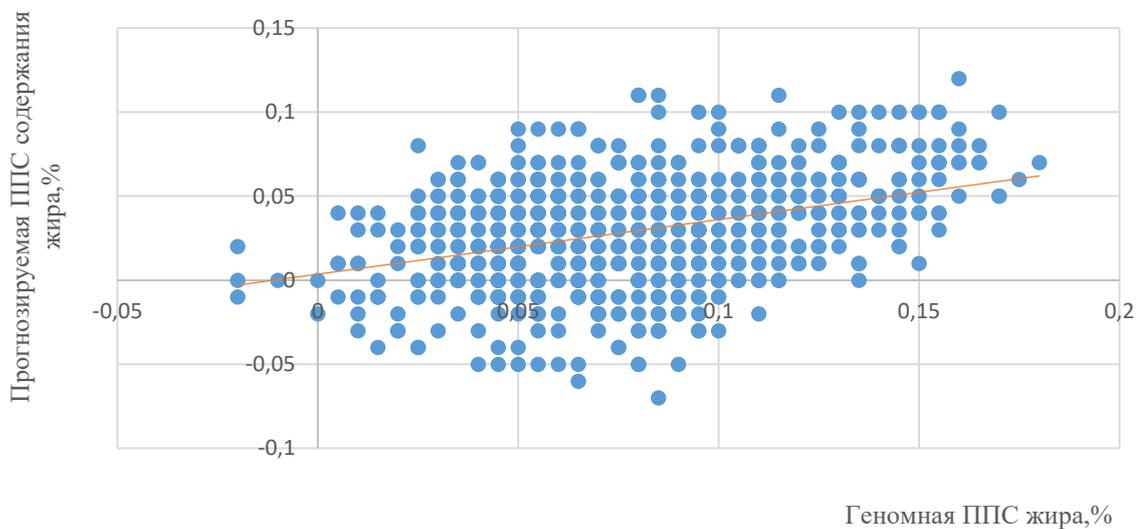


Рисунок 12 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС содержания жира

В таблице 24 представлены результаты сравнения прогнозируемых и фактические значения ППС содержания жира в молоке. Отклонение среднего прогнозируемого значения ППС содержания жира по выборке от значения, полученного с помощью генотипирования, составило  $0,01 \pm 0,004$  %. Максимальные отклонения (как в положительную, так и в отрицательную сторону) находятся в пределах  $\pm 0,19$ – $0,20$  кг, что свидетельствует о наличии отдельных случаев, когда прогнозы сильно отличались от фактических значений. Достаточная точность среднего прогноза подтверждается малым значением стандартной ошибки (0,002 кг) и узким доверительным интервалом ( $\pm 0,004$  кг).

Таблица 24 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС содержания жира от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
Прогнозируемое среднее значение ППС содержания жира, кг	0,09
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС содержания жира, кг	0,10
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	0,01
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	11
Стандартная ошибка	0,002
Медианная разница	0,01
Мода	0,07
Стандартное отклонение	0,06
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	0,004
Максимальная отрицательная разница	-0,19
Максимальная положительная разница	0,20
Выборка	757

В целом, результаты показывают, что прогнозируемые значения содержания жира были точными, хотя и наблюдались отдельные случаи значительных отклонений.

*ППС экономии корма.* Уровень корреляции прогнозируемой и геномной ППС экономии корма составил 0,75 – средняя положительно направленная корреляция (рисунок 13). Данные имеют средний уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от минус 50 до 200 кг, а фактических – от 0 кг до 170 кг.

Отклонение среднего прогнозируемого значения ППС экономии корма по выборке от значения, полученного с помощью генотипирования, составило минус  $2,9 \pm 2,7$  % (таблица 25). Значительное стандартное отклонение (38,0 кг) указывает на достаточно широкий диапазон вариации разницы между прогнозами и фактическими значениями ППС экономии корма. Мода (минус 10,2 кг) показывает,

что наибольшее количество случаев отклонения было в пределах этого значения, хотя средние и медианные значения отклонений меньше.

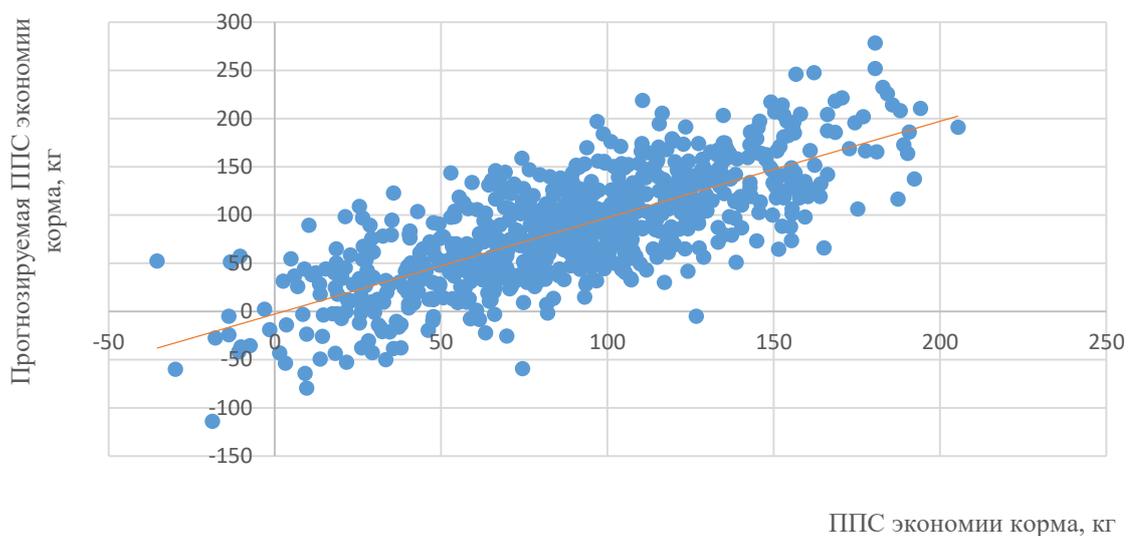


Рисунок 13 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС экономии корма

Таблица 25– Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС экономии корма от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
Прогнозируемое среднее значение ППС экономии корма, кг	88,6
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС экономии корма, кг	85,7
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	– 2,9
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	3,3
Стандартная ошибка	1,4
Медианная разница	– 4,8
Мода	– 10,2
Стандартное отклонение	38,0
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	2,7
Максимальная отрицательная разница	– 108
Максимальная положительная разница	134
Выборка	757

Стандартная ошибка (1,4 кг) и доверительный интервал ( $\pm 2,7$  кг) указывают на то, что средние оценки относительно точны, но в ряде случаев возможны значительные отклонения.

*ППС продуктивного долголетия.* Коэффициент корреляции Пирсона прогнозируемой и геномного ППС продуктивного долголетия составил 0,68 – средняя положительно направленная корреляция (рисунок 14). Данные имеют достаточно высокий уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от 1 мес. до 6 мес., а фактических – от 1,5 до 4,5 мес.

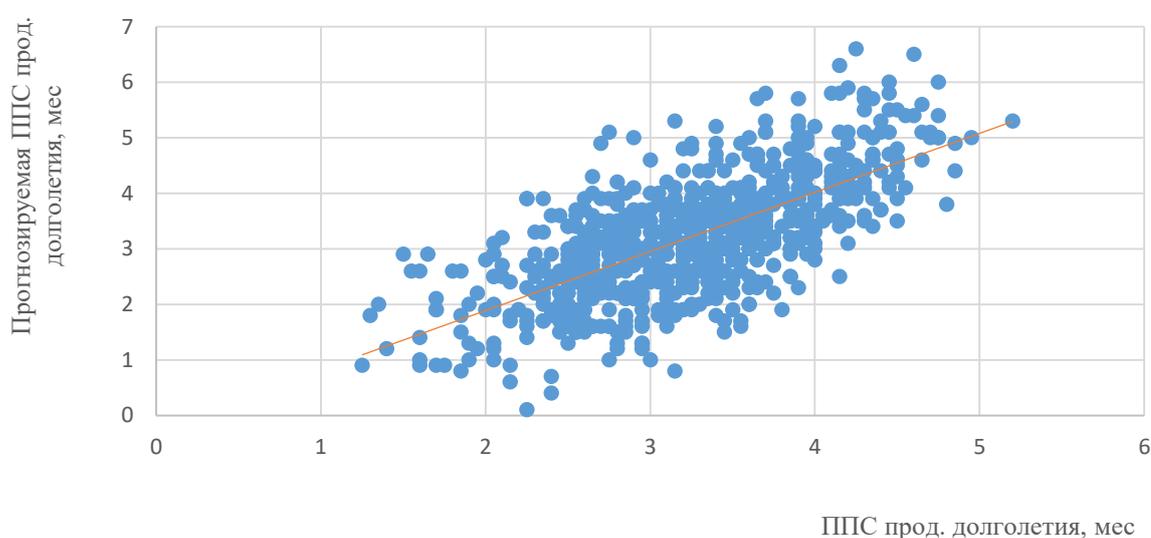


Рисунок 14 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС продуктивного долголетия

Отклонение среднего прогнозируемого значения ППС продуктивного долголетия по выборке от значения, полученного с помощью генотипирования, составило минус  $0,03 \pm 0,1$  мес (таблица 26).

Таблица 26 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС продуктивного долголетия от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
1	2
Прогнозируемое среднее значение ППС продуктивного долголетия, мес	3,24

Продолжение таблицы 26

1	2
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС продуктивного долголетия, мес	3,21
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	- 0,03
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	0,9
Стандартная ошибка	0,03
Медианная разница	0
Мода	0
Стандартное отклонение	0,79
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	0,1
Максимальная отрицательная разница	- 2,4
Максимальная положительная разница	2,4
Выборка	757

Это минимальное отклонение свидетельствует о том, что в среднем модель прогнозирования довольно точно предсказывала ППС продуктивного долголетия. Медианная разница и мода равные 0 означают, что для половины наблюдений прогнозы в большинстве случаев совпадают с фактическими данными. Стандартная ошибка среднего значения 0,03 мес и доверительный интервал 0,1 мес свидетельствует о высокой точности прогнозов среднего значения. При этом стандартное отклонение 0,79 мес указывает на некоторую изменчивость между прогнозируемыми и фактическими значениями.

*ППС индекса стельности дочерей.* Коэффициент корреляции прогнозируемой и геномного ППС индекса стельности дочерей составил 0,63 – средняя положительно направленная корреляция (рисунок 15). Данные имеют достаточно высокий уровень рассеяния. Большинство точек прогнозируемых значений сосредоточено в диапазоне ППС от минус 3 до 2 %, а фактических – от минус 2 до 0,8 %.

Отклонение среднего прогнозируемого значения ППС индекса стельности дочерей по выборке от значения, полученного с помощью генотипирования, составило минус  $0,1 \pm 0,1$  % (таблица 27). Результаты анализа показывают, что про-

гнозируемые значения ППС индекса стельности дочерей были в целом близки к фактическим данным, полученным после геномной оценки. Небольшая средняя разница в 0,1 % и медиана с модой, указывающие на минимальные отклонения, подтверждают, что прогнозы в большинстве случаев были точными. Однако стандартное отклонение и наличие экстремальных значений отклонений указывают на наличие отдельных случаев, где фактические данные существенно отличались от прогнозируемых.

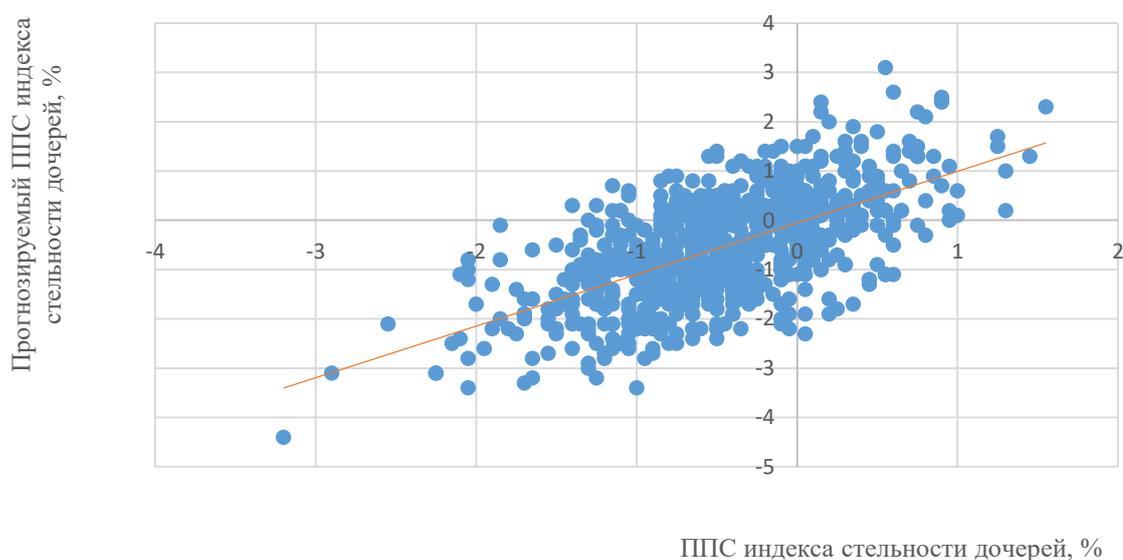


Рисунок 15 – Корреляция между прогнозируемым и геномным значением ППС индекса стельности дочерей

Таблица 27 – Описательная статистика для отклонения прогнозируемого значения ППС индекса стельности дочерей от значения, полученного с помощью геномной оценки

Статистический показатель	Значение
1	2
Прогнозируемое среднее значение ППС индекса стельности дочерей, %	– 0,5
Среднее значение по результатам геномной оценки ППС индекса стельности дочерей, %	– 0,6
Отклонение прогнозируемого значения от подтвержденного	
Средняя разница	– 0,1

Продолжение таблицы 27

1	2
Средняя абсолютная ошибка прогноза, %	20
Стандартная ошибка	0,03
Медианная разница	0,1
Мода	0,0
Стандартное отклонение	0,9
Доверительный интервал (при $\alpha = 0,05$ )	0,1
Максимальная отрицательная разница	- 2,6
Максимальная положительная разница	2,4
Выборка	757

*Минимальный объем выборки для сохранения точности прогноза.* Для большинства показателей значения доверительных интервалов разницы прогноза и факта находятся в пределах того же или меньшего порядка. Это дает возможность с достаточно высокой для селекционной работы достоверностью прогнозировать средние показатели потомства при формировании родительских пар. Однако стандартное отклонение разницы между прогнозом и фактической оценкой существенно превосходит среднее значение, что позволяет сделать вывод о сильной зависимости точности прогноза от размера выборки.

В связи с этим рассчитан минимальный размер выборки, в рамках которой сохранялась бы точность прогноза при существующих параметрах стандартных отклонений и доверительных интервалов. Установлено, что для всех исследуемых признаков необходимый объем выборки – 357 родительских пар. Этого достаточно, чтобы внедрить геномную селекцию (ранжирование молодняка и выделение селекционных групп, закрепление быков на селекционных группах, прогноз экономической эффективности и др.) в фермерские хозяйства с численностью дойного стада 800–1000 гол.

Таким образом, исследование показало значительный потенциал использования геномных данных родителей в прогнозировании ключевых признаков потом-

ства. Средние прогнозируемые значения довольно близки к средним фактическим результатам геномной оценки. Процент отклонения прогнозируемого значения от геномной оценки показывает, что наиболее точными являются прогнозы для показателей ИПП и ППС продуктивного долголетия. Наибольшее отклонение наблюдается у ППС белка и индекса стельности дочерей. При этом значительные стандартные отклонения и доверительные интервалы наблюдаются у всех показателей, что указывает на их высокую вариативность признаков в популяции.. Таким образом, возможность спрогнозировать племенную ценность потомства в конкретной родительской паре крайне ограничена. Однако, при закреплении группы быков на маточном поголовье прогноз средней племенной ценности всего потомства удастся осуществить с высокой степенью точности.

Минимальный объем выборки, при котором сохраняется высокая точность прогноза, составляет 357 родительских пар. Это демонстрирует важность использования достаточно больших выборок для геномной селекции. Также результаты исследования говорят в пользу использования геномной оценки при подборе родителей для улучшения продуктивных и здоровьесберегающих характеристик скота. Это позволяет не только улучшить качество потомства, но и повысить экономическую эффективность хозяйства.

В целом, модель прогнозирования ППС признаков дает достоверный результат в среднем по популяции, но может нуждаться в доработке для уменьшения больших индивидуальных отклонений. Исследование дает ценные выводы для дальнейшей работы в области улучшения точности прогнозов ППС признаков, что является важным аспектом для повышения эффективности животноводства и обеспечения устойчивого производства.

### **3.3 Анализ полиморфизма генов молочных белков у коров голштинской породы**

Молочные белки являются ключевыми компонентами молока, и их генетическая вариация может значительно влиять на молочную продуктивность и качество

молока. Среди основных молочных белков выделяют каппа-казеин, бета-казеин и бета-лактоглобулин. Разные генотипы этих белков оказывают различное влияние на молочную продуктивность, состав молока и его технологические свойства (S. Ardicli et al., 2024).

*Каппа-казеин* (κ-казеин, CSN3) играет важную роль в формировании казеиновых мицелл, которые обеспечивают стабильность молока. Существуют несколько аллелей κ-казеина, среди которых наиболее распространены А и В. Генотип АА обуславливает более низкий выход сыра, так как этот генотип связан с меньшей устойчивостью казеиновых мицелл к коагуляции. Генотип АВ – промежуточный вариант, который характеризуется средними показателями по выходу сыра и устойчивости к коагуляции. Генотип ВВ связан наибольшим выходом сыра и лучшей устойчивостью к коагуляции (О. Г. Лоретц, Е. В. Матушкина, 2014). Также, коровы с генотипом ВВ имеют более высокую молочную продуктивность и производят молоко, более подходящее для производства сыра (Л. А. Калашникова, Е. А. Денисенко, А. Ш. Тинаев, 2004).

*Бета-казеин* (β-казеин, CSN2) также важен для стабильности и свойств молока. Основные аллели включают А1 и А2. Генотип А1/А1 связан с производством бета-казеина А1, который при переваривании может образовывать β-казоморфин-7, потенциально оказывающий негативное влияние на здоровье человека. А1/А2 – гетерозиготный генотип, который производит оба типа бета-казеина. Генотип А2/А2 связан с производством бета-казеина А2, который считается более полезным для здоровья, так как не образует β-казоморфин-7 при переваривании (С. О. Снигирев и др., 2023; И. Ф. Горлов, О. В. Сычева, Л. В. Кононова, 2016).

Влияние генотипов на молочную продуктивность может варьироваться, но преимущество заключается в повышенной рыночной стоимости молока А2.

*Бета-лактоглобулин* (β-лактоглобулин, LGB) является основным сывороточным белком молока, и его вариации также влияют на молочную продуктивность. Основные аллели включают А и В.

Генотип АА связан с более высоким содержанием сывороточного белка, что может повышать общую белковую ценность молока. Генотип АВ – промежуточ-

ный вариант по содержанию белка и его свойствам. Генотип ВВ связан с более низким содержанием сывороточного белка, но молоко с этим генотипом может иметь лучшие технологические свойства для производства некоторых молочных продуктов (Ф. Ф. Зиннатова, А. М. Алимов, Ф. Ф. Зиннатов, 2012).

Генотипы молочных белков каппа-казеина, бета-казеина и бета-лактоглобулина играют значительную роль в определении молочной продуктивности и качестве молока. Осознанный выбор и селекция коров по этим генотипам могут существенно повысить производительность молочного стада, улучшить качество молока и его пригодность для различных видов переработки.

В связи с этим целью данного исследования стал анализ зависимости между генотипами белков молока с фактическими показателями продуктивности и геномной оценкой признаков здоровья и долголетия. Исследование проведено на 292 первотелках, закрывших первую лактацию.

### 3.3.1 Полиморфизм гена CSN3 и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками

В результате геномного тестирования по локусу гена CSN3 получены достоверные данные о распределении аллелей и генотипов в популяции (рисунок 16).

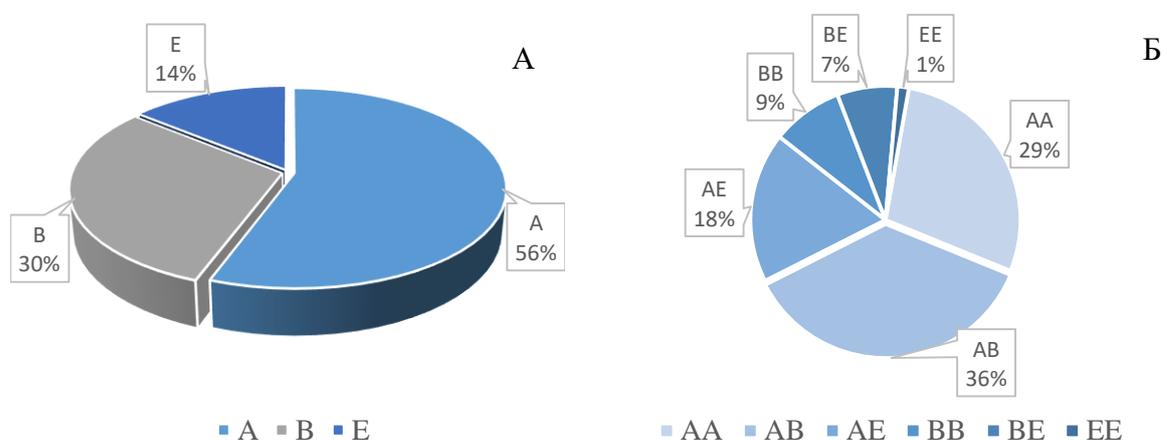


Рисунок 16 – Частота встречаемости аллелей (А) и генотипов (Б) CSN3

Генотип АВ наиболее встречаемый среди животных в данной популяции, составляя 36 % от общего числа. Наименее распространенным генотипом является «ЕЕ», встречающийся лишь у 1 % особей.

Гетерозиготных комбинаций (где присутствуют два разных аллеля) довольно много: 61 % популяции имеют гетерозиготные генотипы, а 38 % популяции – гомозиготные генотипы.

Влияние генотипов на показатели популяции представлены в таблице 28.

Таблица 28 – Изменение фактических и геномных показателей популяции в зависимости от генотипа CSN3

Генотип	Результаты геномной оценки (ППС)							Удой за 305 дней, кг
	LNМ\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголетие, мес	Индекс стельности дочерей, %	
АВ	254	76	0,02	0,04	17	1,3	– 0,4	10928
АА	281	67	0,02	0,05	23	1,6	– 0,3	10857
АЕ	331	86	0,01	0,07	21	1,7	– 0,6	10801
ВЕ	262	94	0,01	0,04	10	1,2	– 0,4	10704
ВВ	231	71	0,02	0,01	13	1,5	0,1	10654
ЕЕ	290	11	0,03	0,08	26	2,0	– 0,3	10443

Наибольший удой за 305 дней первой лактации наблюдается у генотипов АВ (10 928 кг) и АА (10 857 кг). Генотипы АЕ, ВЕ и ВВ показывают несколько меньшие значения, с диапазоном удоев от 10 704 до 10 801 кг. Генотип ЕЕ имеет самый низкий удой (10 443 кг). Однако стоит отметить малую выборку для этого генотипа. Однофакторный дисперсионный анализ показал отсутствие достоверных различий между средними показателями удоя за 305 дней.

Самое высокое значение LNМ\$ наблюдается у генотипа АЕ (331), наименьшее значение – у генотипа ВВ (231). Генотип АА также показывает высокое значение (281), в то время как другие генотипы располагаются между этими показателями.

Наибольший ППС удоя среди всех генотипов показывает генотип ВЕ (+ 94 кг), что не согласуется с фактическим показателем. Наименьший удой у генотипа ЕЕ (+ 11 кг).

ППС содержания белка минимально варьируется между генотипами, все генотипы за исключением ЕЕ имеют одинаковое значение (0,01–0,02 %). Единственное исключение – генотип ЕЕ, где значение составляет 0,03 %.

ППС содержание жира также варьируется, наибольшее значение у генотипа ЕЕ (0,08 %), наименьшее значение у генотипа ВВ (0,01 %).

Генотип ЕЕ показывает наивысший показатель ППС экономии корма (26 кг), минимальное значение – у генотипа ВЕ (10 кг).

Наибольшая ППС продуктивного долголетия у генотипа ЕЕ (2,0 мес), наименьшая – у генотипов ВЕ (1,2 мес) и АВ (1,3 мес).

Самая низкий показатель фертильности (ППС индекса стельности дочерей) у генотипа АЕ (минус 0,6 %). Единственный генотип с положительным значением – ВВ (0,1 %).

### 3.3.2 Полиморфизм гена *CSN2* и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками

В результате геномного тестирования по локусу гена *CSN3* получены достоверные данные о распределении аллелей и генотипов в популяции (рисунок 17).

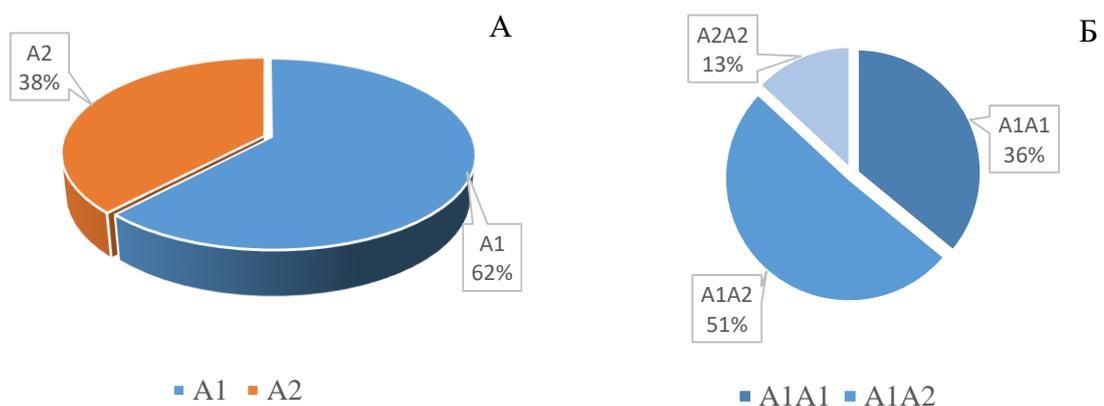


Рисунок 17 – Частота встречаемости аллелей (А) и генотипов (Б) *CSN2*

Данные показывают, что гетерозиготный генотип A1A2 является наиболее распространенным в данной популяции, составляя чуть более половины (51 %). Гомозиготные генотипы A1A1 и A2A2 встречаются реже, причем A1A1 значительно чаще (36 %) по сравнению с A2A2 (13 %) (А. Г. Кощяев, 2024).

В популяции присутствует значительное генетическое разнообразие, так как все три генотипа присутствуют в заметных долях.

Отмечено преобладание аллеля A1, так как генотипы, содержащие этот аллель (A1A1 и A1A2), составляют 87 % всей популяции. Влияние генотипов на показатели популяции представлены в таблице 29.

Таблица 29 – Изменение фактических и геномных показателей популяции в зависимости от генотипа CSN3

Генотип	Результаты геномной оценки (ППС)							Удой за 305 дней, кг
	LNMS\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголетие, мес	Индекс стельности дочерей, %	
A1A1	281	64	0,02	0,05	23	1,6	– 0,3	10838
A1A2	277	81	0,01	0,04	18	1,4	– 0,5	10865
A2A2	251	73	0,02	0,03	17	1,4	– 0,3	10863

Фактическая продуктивность за 305 дней первой лактации очень близка у всех трех генотипов, колеблясь в диапазоне от 10 838 до 10 865 кг. Это показывает, что значительных различий между генотипами нет. Содержание белка и жира в молоке также не показывает существенной разницы между генотипами.

Генотип A1A1 имеет самый высокий показатель экономии корма (23 кг), что может свидетельствовать о большей усваиваемости и экономии сухого вещества при сходной с остальными генотипами продуктивности.

Однофакторный дисперсионный анализ не показал статистически достоверных закономерностей наследования генетического потенциала признаков с генотипами CSN2 (при  $p < 0.05$ ). Однако выявлена тенденция к большей частоте насле-

дования генотипа A1A2 у первотелок с более низкими фертильными качествами (группа с индексом стельности дочерей – 0,5).

Хотя существуют незначительные различия в производственных и геномных показателях среди первотелок с разными генотипами  $\beta$ -казеина, в целом продуктивность (удой за 305 дней) остается практически одинаковой. Следовательно, выбор генотипа  $\beta$ -казеина может в большей степени зависеть от других факторов, в частности цена на молоко с генотипом A2A2.

### 3.3.3 Полиморфизм гена *LGB* и связь его генотипов с хозяйственно-полезными признаками

В результате геномного тестирования по локусу гена *LGB* получены достоверные данные о распределении аллелей и генотипов в популяции (рисунок 18).

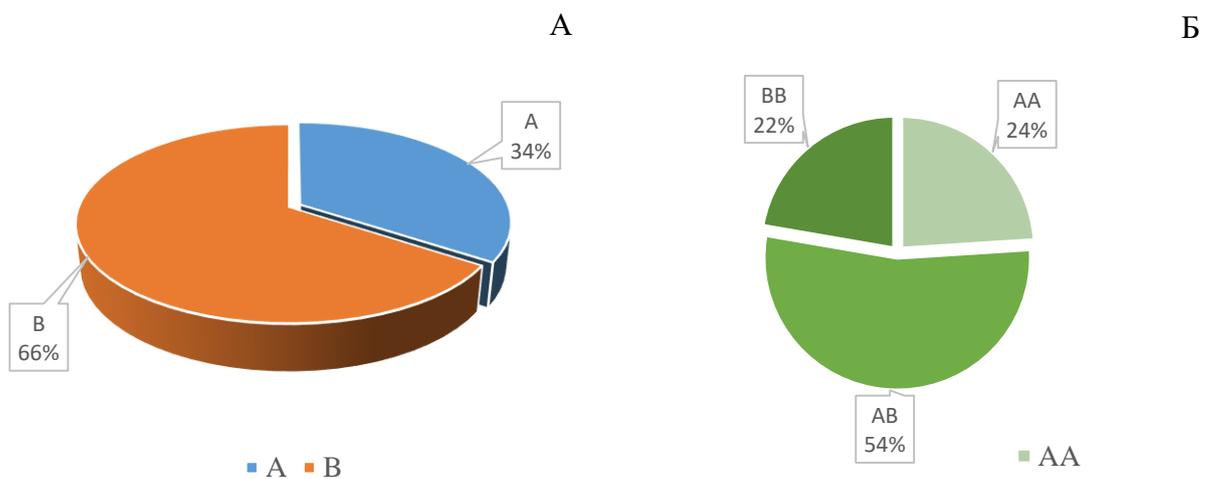


Рисунок 18 – Частота встречаемости аллелей (А) и генотипов (Б) *LGB*

Результаты исследования показывают, что в популяции КРС наблюдается незначительное отклонение от теоретического распределения в сторону большего числа гетерозигот (AB), что может быть обусловлено случайными биологическими или селекционными факторами. Влияние генотипов на показатели популяции представлены в таблице 30.

Генотип АА показал самый низкий ППС удою (65 кг) и фактический удой за 305 дней (10 784 кг). Генотип АВ имеет самый высокий ППС удою (82 кг) и наиболее высокий фактический удой за 305 дней (10 858 кг).

Таблица 30 – Изменение фактических и геномных показателей популяции в зависимости от генотипа LGB

Генотип	Результаты геномной оценки (ППС)							Удой за 305 дней, кг
	LNMS\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголетие, мес	Индекс стельности дочерей, %	
АА	190	65	0,01	0,01	13	1,3	0,1	10784
АВ	281	82	0,02	0,04	19	1,5	– 0,4	10858
ВВ	349	70	0,02	0,09	24	1,7	– 0,6	10850

ППС содержания жира была самой высокой у генотипа ВВ (0,09 %), тогда как у генотипа АВ (0,04 %) и АА (0,01 %) этот показатель значительно ниже.

Генотип ВВ имеет самый высокий LNMS\$ (349) и FSAV (24 кг), а также наиболее продолжительную прибавку к ППС продуктивного долголетия (1,7 мес).

Отрицательные значения ППС индекса стельности дочерей указывают на снижение фертильности у носителей генотипов АВ (– 0,4 %) и ВВ (– 0,6 %), тогда как у носителей генотипа АА отмечался положительный показатель (0,1 %).

Однофакторный дисперсионный анализ подтвердил достоверность различий в показателях ППС содержания жира, ППС экономии корма, ППС продуктивного долголетия, ППС индекса стельности и индекса пожизненной прибыли.

Генотипы бета лактоглобулина (АА, АВ, ВВ) значимо влияют на жирность молока, а также на продуктивный период и фертильность. Генотип АВ показал наивысшую фактическую продуктивность, при этом генотип ВВ также демонстрирует высокий удой и качество молока (особенно по содержанию жира). Генотип АА показал наиболее низкие результаты по всем критериям геномных и продуктивных характеристик.

Таким образом, для генотипов CSN3 отмечена тенденция влияния на ППС удою, ППС содержания белка и жира, ППС экономии корма и ППС продуктивного долголетия. Наиболее продуктивными генотипами являются АВ и АА.

Генотипы CSN2 не оказывают значительного влияния на фактический удой, ППС содержание белка и жира. Выбор генотипа может зависеть от коммерческих факторов.

Генотипы LGB значимо влияют как на фактический удой, так и на его ППС, ППС содержания жира, ППС экономии корма и ППС продуктивного долголетия. Наиболее продуктивным является генотип АВ, а наибольшие показатели жира и экономии корма наблюдаются у генотипа ВВ.

В связи с этим, в геномной селекции КРС рекомендуется учитывать генотипы АВ и АА гена CSN3 и АВ и ВВ гена LGB для улучшения хозяйственно-полезных признаков, таких как удой и содержание жира. Выбор генотипа А2А2 гена CSN2 может быть основан коммерческими аспектами. Использование информации об изученных генотипах генов CSN3, CSN2 и LGB в селекции должно быть направлено на достижение оптимального баланса между удоем, качеством молока и другими экономически значимыми характеристиками, учитывая потенциальные компромиссы с фертильностью и другими показателями производственной эффективности.

### **3.4 Применение геномных данных в селекции крупного рогатого скота**

Геномная селекция отличается от селекции по родословной и фенотипическим данным непосредственным изучением ДНК. Племенная ценность с высокой достоверностью (72–75 %) с первых дней жизни молодняка определяется путем сравнения последовательностей ДНК для многих тысяч локусов с существующими базами данных генотипов, записей родословных и фенотипической информацией для миллионов животных.

В первую очередь геномная оценка совершила революцию в быкопроизводстве. Интервал между поколениями составляли около 5 лет, но после внедрения

технологии и повышении достоверности в 2009 г. был значительно сокращен до чуть более 2 лет, за счет принятия решений об использовании быка еще до его оценки по дочерям (A. García-Ruiz et al., 2016).

Геномная оценка на маточном поголовье увеличивает эффективность других технологий воспроизводства, таких как сексированное семя, использование семени мясных пород на молочном стаде, индивидуальные закрепления или эмбриотрансфер, которые также увеличивают интенсивность отбора (Т. Granleese et al., 2015; А. Е. Fleming et al., 2018; А. С. Горелик и др., 2022). Селекционер при составлении программ разведения должен спланировать, как именно будут использованы результаты оценки, рассчитать экономическую эффективность, прежде чем принимать решение о вариантах генетического тестирования (К. Kaniyamattam et al., 2016).

Один образец ДНК может обеспечить прогноз генетического потенциала телки для множества признаков продуктивности, здоровья, фертильности, а также предоставить информацию о подтверждении родства, рецессивных гаплотипах и моногенных заболеваниях (Identification of a nonsense..., 2016), геномном инбридинге. Таким образом, геномная оценка позволяет оценить результаты селекционной-племенной работы, сделать прогноз при текущих принципах и методах ее ведения, а также скорректировать существующие подходы для ускорения генетического прогресса.

В рамках данного исследования изучен генетический потенциал маточного поголовья 2020–2023 гг. хозяйства ООО «Урожай XXI век», дана оценка существующим подходам ведения селекции, разработаны варианты стратегии разведения, ускоряющие генетический прогресс, рассчитан экономический эффект от внедрения разработанных рекомендаций.

### ***3.4.1 Оценка существующей селекционной стратегии хозяйства ООО «Урожай XXI век» с помощью геномных данных***

Генотипирование как инструмент селекции было внедрено в работу хозяйства в 2020 г. Накопленные за 4 года данные позволили оценить тенденции в из-

менении генетического потенциала маточного поголовья по блокам продуктивности, фертильности, здоровья, а также однородности стада, от которой в том числе зависит эффективность менеджмента, кормления, использования унифицированных протоколов лечения и воспроизводства.

Всего прогенотипировано 3185 животных, рожденных в период с 2020 по 2023 гг. (Свидетельство о регистрации базы данных RU 2022623611 от 22.12.2022; RU 2022623609 от 22.12.2022; RU 2023620176 от 12.01.2023; RU 2023621266 от 19.04.2023; RU 2023622625 от 31.07.2023; RU 2023622622 от 31.07.2023). Переоценка происходит три раза в год, в связи с этим сохраняется возможность сравнивать поголовье, генотипированное в разные промежутки времени. Полученные результаты проверены на нормальность (рисунки 19, 20).

Нормальное распределение племенной ценности по индексу пожизненной прибыли имеют животные, рожденные в 2020 г. ( $P\text{-value} = 0,75$ ), в 2021 г. ( $P\text{-value} = 0,5$ ) и в 2023 г. ( $P\text{-value} = 0,14$ ). При этом распределение племенной ценности поголовья, рожденного в 2022 г. ( $P\text{-value} = 0,05$ ), а также всей генотипированной выборки ( $P\text{-value} = 0,02$ ) отклонилось от нормального, хотя и близко к нему.

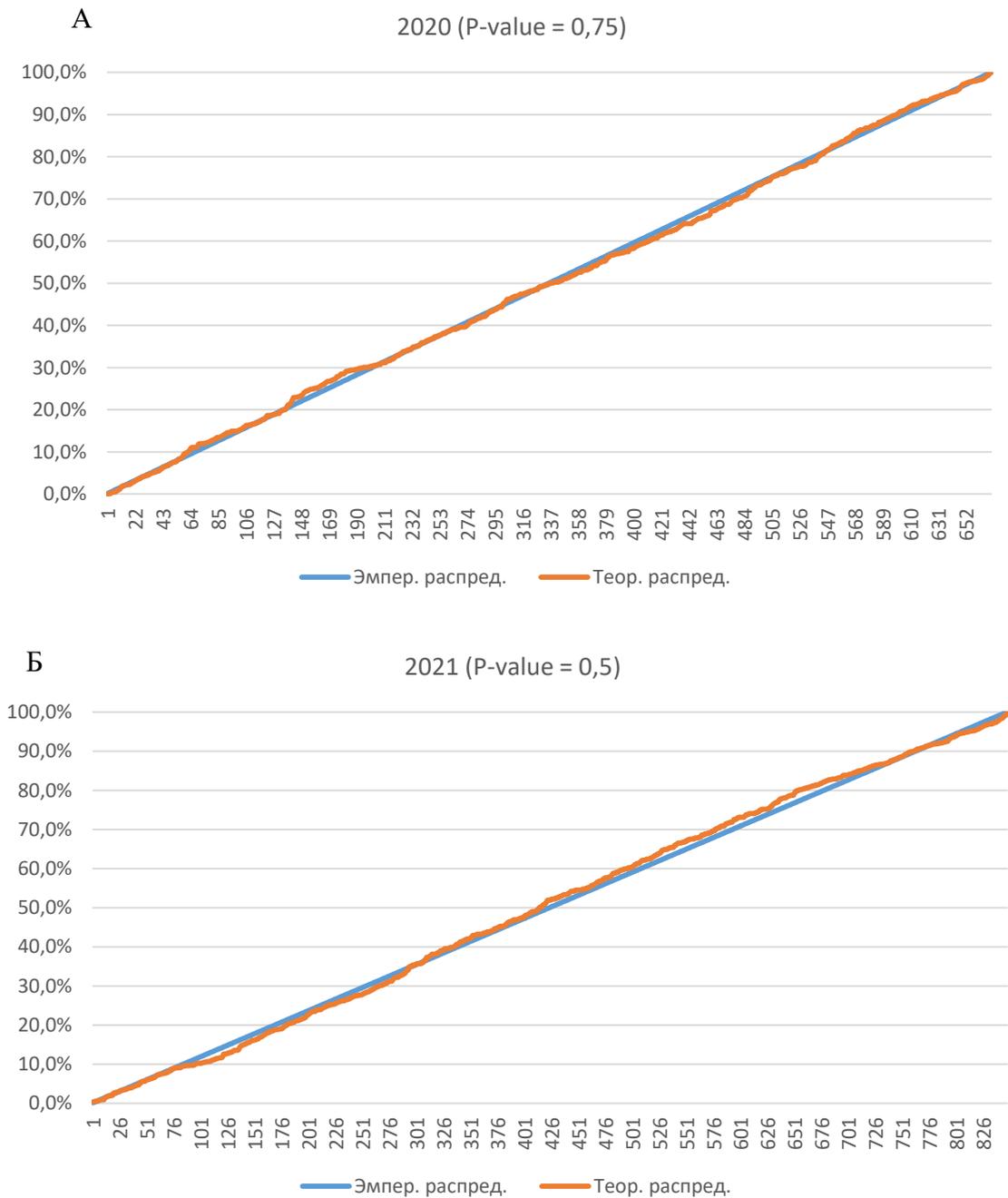
В связи с этим в описательной статистике в качестве мер вариабельности значений решено использовать размах вариации и межквартильный размах. Эти два показателя играют важную роль в оценке однородности генетического потенциала маточного поголовья.

Изменение ключевых показателей по годам отслеживали в зависимости от средних геномных показателей по группе быков-производителей (Наследование племенной ценности быков-производителей..., 2022; Изменение генетического потенциала удоа..., 2022).

Племенная ценность маточного поголовья по селекционному индексу LNM\$ с ростом этого показателя у отцов увеличивалась ежегодно, достигнув отметки 626 в 2023 г.

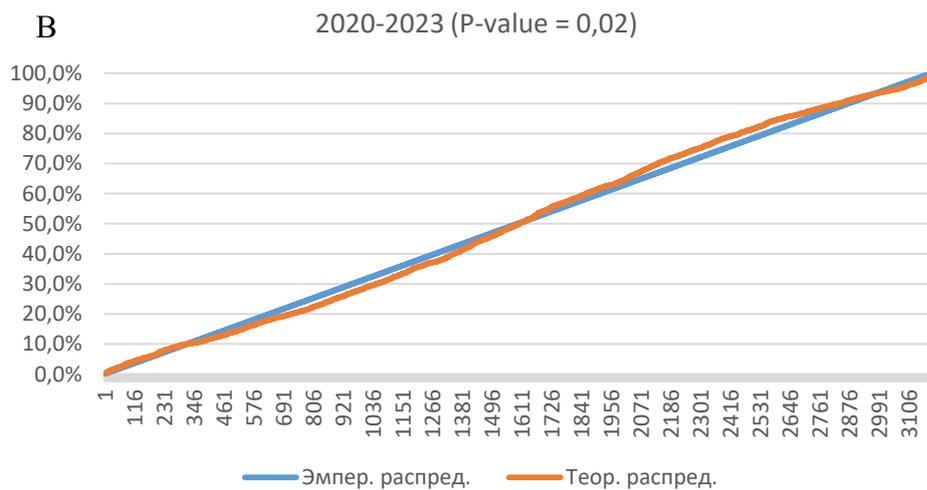
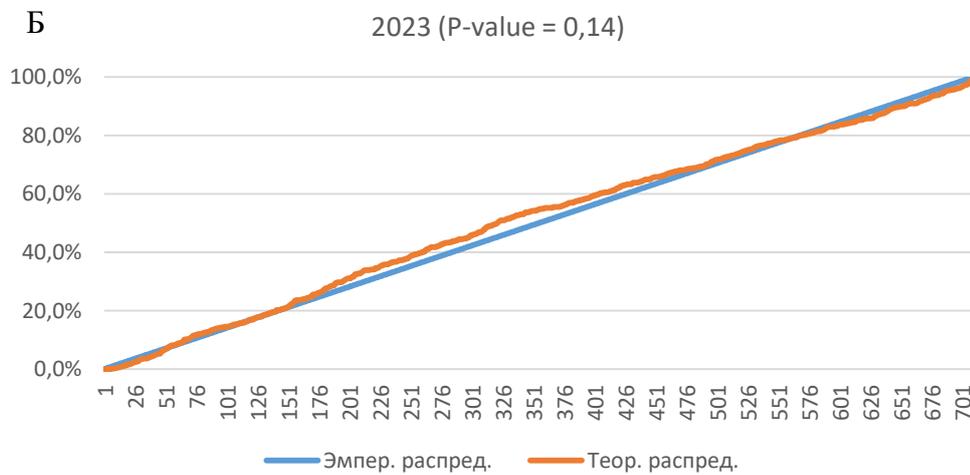
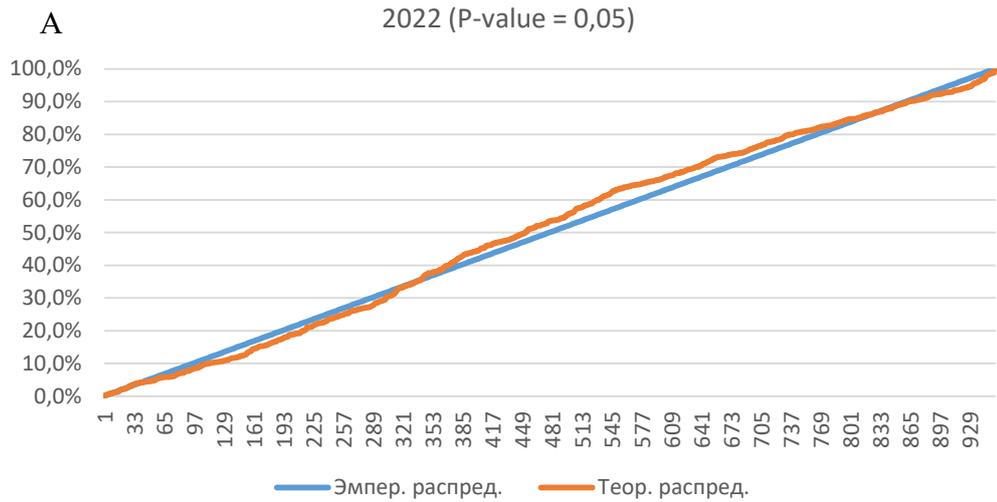
Стоит также отметить, что генетический прогресс увеличился на 35 % – прирост между 2021/2020 гг. составил 101, а уже между 2023/2022 гг. – 155 (таблица 31). Тенденция к увеличению показателей продуктивности также имеет поло-

жильный характер. Удой животных увеличивался с каждым годом, начиная со 145 кг в 2020 г. и достигнув 337 кг в 2023 г. Доля белка также увеличивалась ежегодно, с 0,01 до 0,03 % в 2023 г. Наибольшим генетическим прогрессом обладали доля жира и экономии корма: для них увеличение за четыре года составило в 3,7 и 2,8 раз соответственно.



**Рисунок 19 – Q-Q plot для оценки распределения значений племенной ценности в оцененной популяции:**

**А – животные, рожденные в 2020 г.; Б – животные, рожденные в 2021 г.**



**Рисунок 20 – Q-Q plot для оценки распределения значений племенной ценности в оцененной популяции:**

**А** – животные, рожденные в 2022 г.; **Б** – животные, рожденные в 2022 г.;

**В** – вся генотипированная выборка

Таблица 31 – Средние значение ключевых хозяйственно-полезных признаков по годам рождения животных

Признак, ППС	Категория животных	2020 г.	2021 г.	2022 г.	2023 г.	Среднее по выборке
LNМ\$	Дочери	234	335	470	626	419
	<i>Быки-отцы</i>	<i>656</i>	<i>781</i>	<i>868</i>	<i>936</i>	<i>815</i>
Удой, кг	Дочери	146	203	228	338	229
	<i>Быки-отцы</i>	<i>575</i>	<i>637</i>	<i>517</i>	<i>497</i>	<i>557</i>
Белок, %	Дочери	0,01	0,02	0,03	0,03	0,02
	<i>Быки-отцы</i>	<i>0,00</i>	<i>0,02</i>	<i>0,03</i>	<i>0,05</i>	<i>0,02</i>
Жир, %	Дочери	0,03	0,05	0,07	0,11	0,07
	<i>Быки-отцы</i>	<i>0,06</i>	<i>0,07</i>	<i>0,09</i>	<i>0,16</i>	<i>0,09</i>
Экономия корма, кг	Дочери	39	65	70	81	65
	<i>Быки-отцы</i>	<i>39</i>	<i>89</i>	<i>109</i>	<i>111</i>	<i>89</i>
Продукт. долголет, .мес	Дочери	1,4	1,6	3,0	3,3	2,4
	<i>Быки-отцы</i>	<i>3,4</i>	<i>3,5</i>	<i>5,4</i>	<i>5,0</i>	<i>4,4</i>
Индекс стельности дочерей %	Дочери	- 0,2	- 0,5	- 0,3	- 0,5	- 0,4
	<i>Быки-отцы</i>	<i>- 0,5</i>	<i>- 0,8</i>	<i>- 0,3</i>	<i>- 0,5</i>	<i>- 0,5</i>

Рост продуктивного долголетия маточного поголовью отмечена в течении всего периода наблюдений. Однако, наибольшая прибавка между 2021 и 2022 гг. совпадает со значительным увеличением этого показателя у подобранной группы быков производителей 2022 г.

В отличие от предыдущих блоков хозяйственно-полезных признаков индекс стельности дочерей, ассоциированный с фертильностью колеблется и остается отрицательным.

Стоит отметить, что несмотря на низкую наследуемость признаков здоровья и фертильности точки значительного прироста или снижения генетического потенциала по этим признакам совпадают со сходными колебаниями показателей в группе у быков.

Повышение однородности стада по хозяйственно-полезным признакам – одна из задач селекционно-племенной работы. Эффективность менеджмента, рационов, унифицированных протоколов лечения и воспроизводства зависит также и от сходности генетического потенциала животных по ключевым хозяйственно-полезным признакам.

Размах вариации, который показывает разницу между максимальным и минимальным значением, не имеет четкой тенденции к снижению и колеблется между 819 и 1016 (таблица 32).

Таблица 32 – Вариативность селекционного индекса LNM\$

Признак	2020 г.	2021 г.	2022 г.	2023 г.	Среднее по выборке
Количество животных	671	848	956	710	3185
Размах вариации (LNM\$)	1007	819	1016	838	1253
Межквартильный размах (LNM\$)	198	199	282	174	327

Для межквартильного размаха, который показывает разницу между верхним и нижним квартилями, также меняется в течение периода наблюдений, от 174 до 282. Однородность поголовья по другим ключевым признакам отображена на рисунках 21, 22, 23.

Одной из причин отсутствия закономерного снижения вариативности стада является неравномерной подход к количеству осеменений по быкам. Несмотря на большое количество быков, работавших в тот или иной год, для некоторых наблюдается значительный перекоп в количестве дочерей. В 2020 г. 78 % телок являлись потомками пяти быков, причем 23 % – от быка LEMANS с низким индексом стельности дочерей (– 1,9 %), а 10 % – от быка DAZE с наименьшей прибавкой к удою и отрицательной экономией корма (таблица 33).

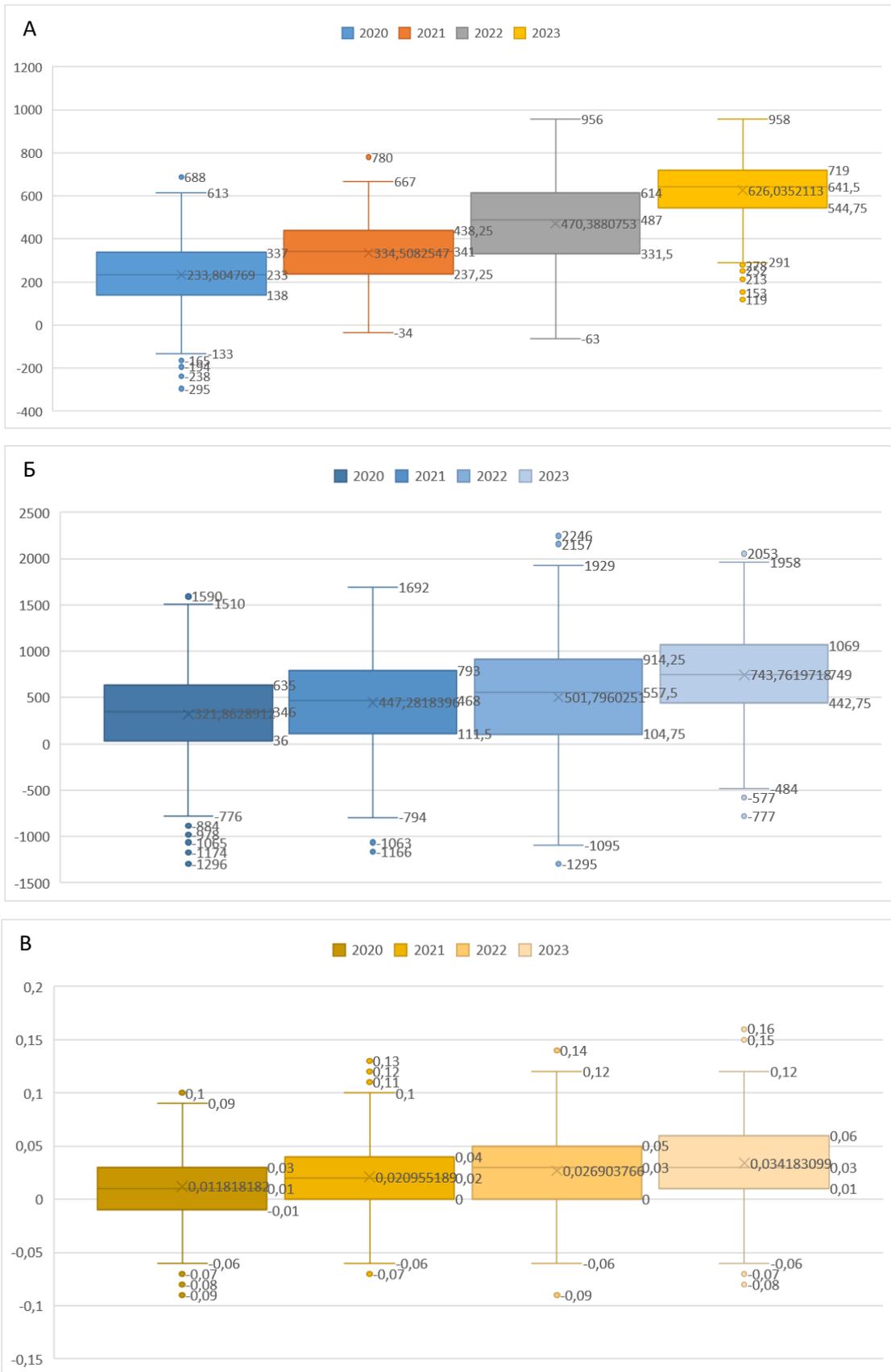


Рисунок 21 – Однородность поголовья по генетическому потенциалу индекса LNМ\$ (А), ППС удоя (Б), ППС содержания белка (В)

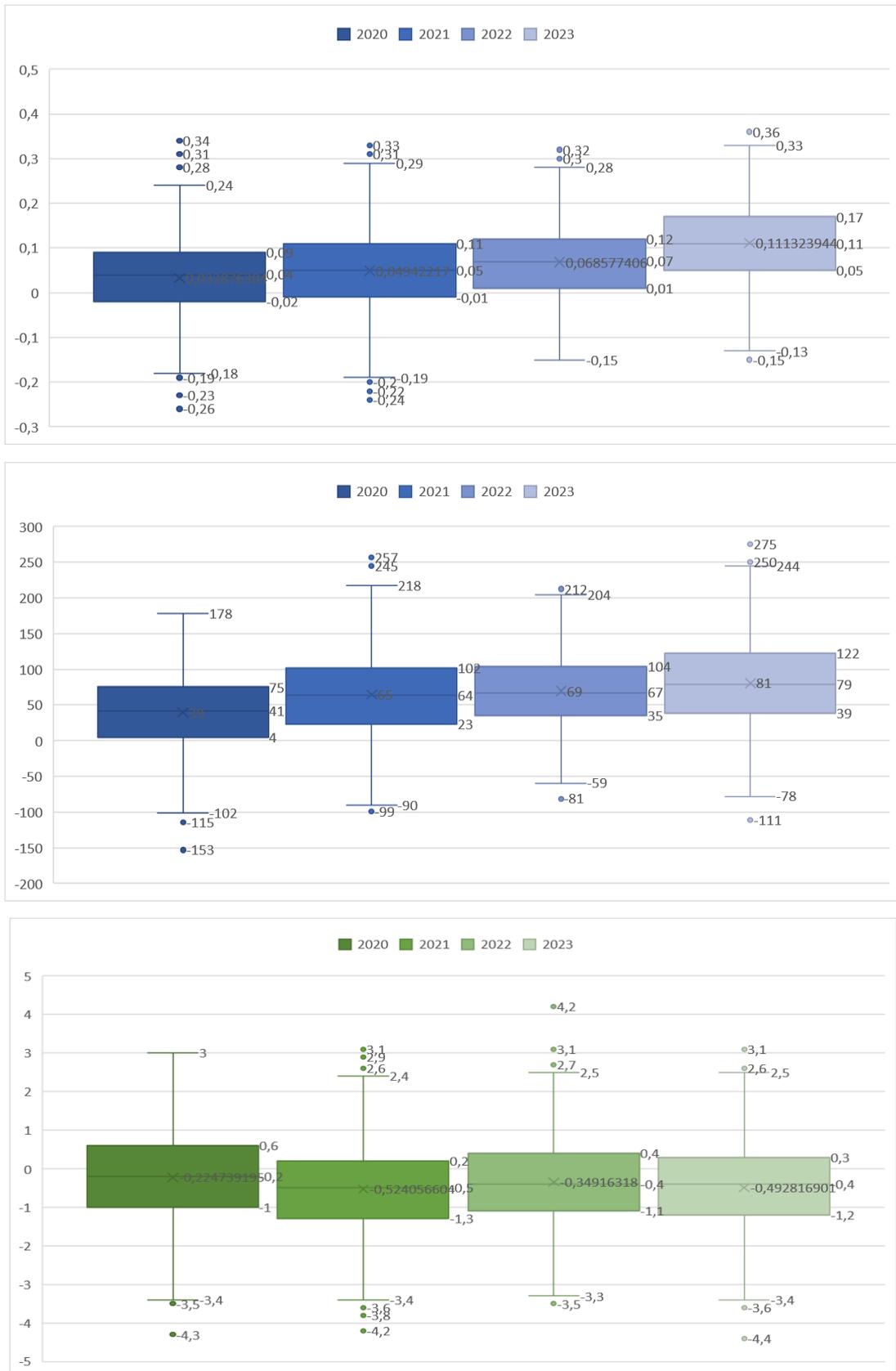


Рисунок 22 – Однородность поголовья по генетическому потенциалу ППС содержания жира (А), ППС экономии корма (Б), ППС продуктивного долголетия (В)

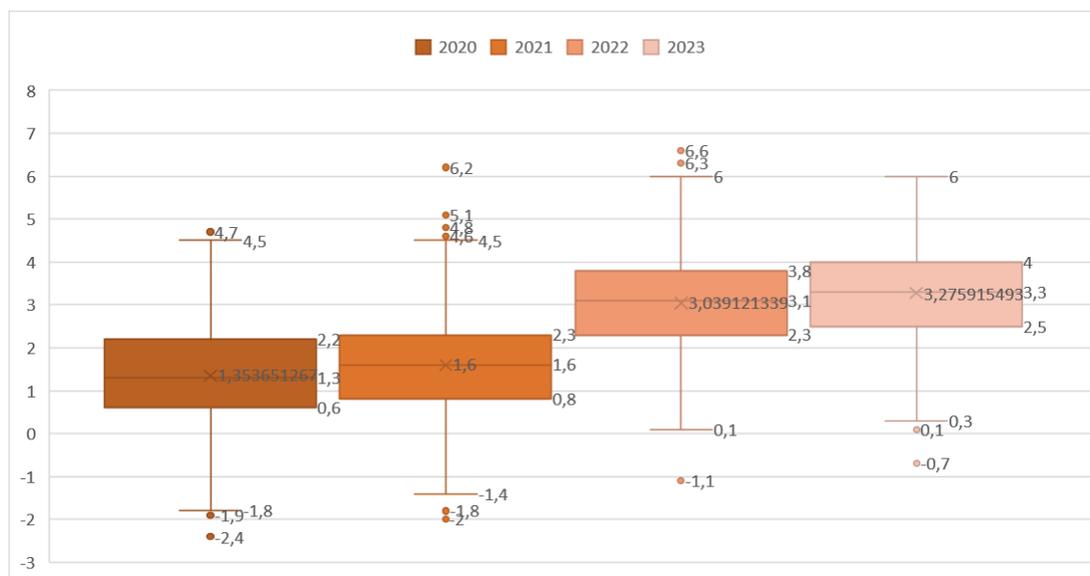


Рисунок 23 – Однородность поголовья по генетическому потенциалу  
ППС индекса стельности дочерей

Таблица 33 – Показатели быков-отцов животных, родившихся в 2020 г.

Код NAAB	Кличка	Результаты геномной оценки (ППС)							
		LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. допголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	Процент дочерей
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO13445	LEMANS	936	652	0,03	0,17	95	3,8	-1,9	23
001HO12902	TAPPS	551	508	-0,01	0,06	4	3,1	-0,2	20
001HO13443	RODEO	623	892	-0,05	-0,04	7	2,3	0,0	14
001HO12996	KANZO	633	289	0,01	0,15	70	3,7	-0,1	12
001HO12477	DAZE	288	123	0,02	-0,04	-18	4,2	1,7	10
001HO12433	ROCKSTAR	657	452	0,05	0,00	118	4,6	0,8	5
001HO13437	SAID	642	997	-0,02	-0,08	73	2,1	-2,0	4
001HO13813	BUZZARD	724	459	0,04	0,13	-4	3,6	-1,0	4
001HO13471	HYFLOW	695	1020	0,02	-0,19	-1	5,1	-0,5	3
001HO11950	CHICO	353	1006	-0,05	-0,09	-145	0,2	-2,5	2
001HO11955	RORY	1006	851	0,04	0,15	88	3,1	-4,3	1

## Продолжение таблицы 33

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO12964	BEYOND	543	498	0,00	-0,07	94	4,7	-0,5	1
001HO15058	SURLY	795	909	-0,03	-0,06	91	4,5	-2,2	1
001HO13867	LYFT	619	246	0,06	0,12	72	3,5	0,6	0,3
<b>Среднее</b>		<b>656</b>	<b>575</b>	<b>0,00</b>	<b>0,06</b>	<b>39</b>	<b>3,4</b>	<b>-0,5</b>	<b>100</b>

В 2021 г. 58 % телок являлись потомками четырех быков, причем 30 % – от двух быков с низким индексом стельности дочерей (-1,9 и 2,0 %) (таблица 34).

Таблица 34 – Показатели быков-отцов животных, родившихся в 2021 г.

Код NAAB	Кличка	Результаты геномной оценки (ППС)							
		LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	Процент дочерей
001HO13844	GAME-CHANGER	890	776	0,00	0,07	173	2,4	-0,3	22
001HO13867	LYFT	619	246	0,06	0,12	72	3,5	0,6	15
001HO13437	LEMANS	936	652	0,03	0,17	95	3,8	-1,9	15
001HO13445	SAID	642	997	-0,02	-0,08	73	2,1	-2,0	15
001HO13813	BUZZARD	724	459	0,04	0,13	-4	3,6	-1,0	13
001HO14100	YATZEE	730	279	0,02	0,10	84	5,9	0,2	7
001HO14127	TORRO	970	773	0,03	0,10	130	4,2	-1,2	5
001HO13471	HYFLOW	695	1020	0,02	-0,19	-1	5,1	-0,5	4
001HO15318	PRESTO	837	582	-0,02	0,09	88	5,9	-1,1	2
001HO15317	SURLY	795	909	-0,03	-0,06	91	4,5	-2,2	1
001HO15058	NO EXCUSE	910	628	0,03	0,07	56	5,6	-0,5	1
001HO14255	FLEXTIME	725	253	0,01	0,06	90	6,9	1,3	1
<b>Среднее</b>		<b>781</b>	<b>637</b>	<b>0,02</b>	<b>0,07</b>	<b>89</b>	<b>3,5</b>	<b>-0,8</b>	<b>100</b>

В 2022 г. 78 % приходится на восемь быков. Быки TORRO и FLEXTIME дали треть потомства, имея в своем генетическом профиле противоположные преимущества и недостатки (таблица 35). Так, для TORRO характерны высокие показатели продуктивности (удой – 773 кг) и низкие для фертильности (DPR – минус 1,2 %), в то время как FLEXTIME характеризуется низкими значениями удоя (253 кг) и высокими показателями фертильности (DPR – 1,3 %). Вероятно, такая разница в признаках быков могла стать одной из причин отклонения распределения признака у потомства от нормального.

Таблица 35 – Показатели быков-отцов животных, родившихся в 2022 г.

Код NAAB	Кличка	Результаты геномной оценки (ППС)							
		LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	Процент дочерей
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO14127	TORRO	970	773	0,03	0,10	130	4,2	– 1,2	21
001HO14255	FLEXTIME	725	253	0,01	0,06	90	6,9	1,3	13
001HO14100	YATZEE	730	279	0,02	0,10	84	5,9	0,2	9
001HO15345	RIDELL	1067	754	0,02	0,06	185	6,2	0,1	8
001HO15318	DAWSONITE	907	372	0,05	0,19	84	5,4	– 0,3	7
001HO15132	PRESTO	837	582	– 0,02	0,09	88	5,9	– 1,1	7
001HO15531	TRENDSETTER	930	632	0,02	0,04	130	6,1	– 0,3	7
001HO15184	LIFEFORCE	847	436	0,09	0,13	93	3,7	– 1,1	5
001HO15075	GIBBS	704	198	0,06	0,08	106	5,3	0,9	4
001HO15482	LIFESAVER	871	322	0,07	0,13	143	5,9	– 0,6	3
001HO15615	OLD DUTCH	987	843	0,03	0,08	62	4,4	– 1,7	3
001HO15185	LITEUP	755	420	0,06	0,10	34	4,5	– 0,5	3
001HO13572	TIKTOK	783	587	0,00	– 0,01	109	6,4	– 0,2	3
001HO15517	CURFEW	916	485	0,02	0,16	210	4,1	– 0,7	2
001HO14138	ORDEAL	677	415	0,04	0,00	74	5,0	1,2	1

Продолжение таблицы 35

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO15317	NO EXCUSE	910	628	0,03	0,07	56	5,6	-0,5	1
001HO15591	TEMPE	926	190	0,11	0,25	69	5,7	-0,2	1
001HO15055	FORTNITE	748	325	0,07	0,15	20	4,6	-0,8	1
<b>Среднее</b>		<b>868</b>	<b>517</b>	<b>0,03</b>	<b>0,09</b>	<b>109</b>	<b>5,4</b>	<b>-0,3</b>	<b>100</b>

Несмотря на то, что в 2023 г. 30 % потомства также приходится на двух быков-производителей, их показатели по ключевым признакам сходны (таблица 36). Также следует отметить, несмотря на вариативность признаков у остальных быков в группе, доли дочерей у многих из них сходны. Это позволило повысить однородность потомства по сравнению телками предыдущих лет.

Таблица 36 – Показатели быков-отцов животных, родившихся в 2023 г.

Код NAAB	Кличка	Результаты геномной оценки (ППС)							
		LNМ\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Экономия корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	Процент дочерей
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO15517	CURFEW	916	485	0,02	0,16	210	4,1	-0,7	16
001HO15575	LEGISLATE	903	430	0,06	0,24	-2	4,2	-0,6	14
001HO15723	GAMEBREAK	1034	837	0,04	0,00	150	6,0	0,0	9
001HO13896	MARVO	879	488	-0,04	0,14	167	5,5	0,8	7
001HO15766	TAKEOVER	1000	711	0,04	0,12	55	4,9	0,5	5
001HO15561	MIDNITE ECLIPSE	963	410	0,08	0,16	117	6,3	-1,5	5
001HO15591	TEMPE	926	190	0,11	0,25	69	5,7	-0,2	4
001HO15482	LIFESAVER	871	322	0,07	0,13	143	5,9	-0,6	4
001HO15823	NEOWISE	1150	399	0,09	0,31	150	5,5	-0,4	4

Продолжение таблицы 36

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
001HO15055	FORTNITE	748	325	0,07	0,15	20	4,6	-0,8	4
001HO15531	TRENDSETTER	930	632	0,02	0,04	130	6,1	-0,3	3
001HO15681	MONEYBALL	1115	429	0,08	0,27	149	5,1	0,1	3
001HO15615	LIFEFORCE	847	436	0,09	0,13	93	3,7	-1,1	3
001HO15184	OLD DUTCH	987	843	0,03	0,08	62	4,4	-1,7	3
001HO15547	NEW RULE	995	445	0,07	0,23	137	5,0	-2,2	3
001HO14139	NOSTROMO	1004	443	0,07	0,24	58	4,9	1,2	2
001HO16205	MADBOY	868	752	0,03	0,00	9	6,5	-1,8	2
001HO15879	YATZEE	730	279	0,02	0,10	84	5,9	0,2	2
001HO14100	NOMINATION	940	299	0,05	0,23	64	6,5	0,1	2
001HO15689	MR POPULAR	1014	449	0,07	0,20	128	5,3	-0,8	2
001HO14104	CIAO	781	401	0,01	0,23	143	2,4	-1,9	2
001HO15515	PENDULUM	1090	532	0,06	0,21	108	5,7	0,9	0,3
001HO13437	RIDELL	1067	754	0,02	0,06	185	6,2	0,1	0,1
001HO15345	SAID	642	997	-0,02	-0,08	73	2,1	-2,0	0,1
001HO15631	FASTDRAW	911	264	0,10	0,20	111	5,4	-1,5	0,1
<b>Среднее</b>		<b>936</b>	<b>497</b>	<b>0,05</b>	<b>0,16</b>	<b>111</b>	<b>5,0</b>	<b>-0,5</b>	<b>100</b>

Таким образом, селекционная стратегия ООО «Урожай XXI век», основанная на геномных данных, продемонстрировала значительный прогресс в улучшении ключевых хозяйственно-полезных признаков у маточного поголовья в период с 2020 по 2023 гг. Основные тенденции включают рост племенной ценности по индексу LNM\$, увеличение удоев, содержания белка и жира, а также улучшение показателей продуктивного долголетия. Однако, несмотря на общий положительный тренд, имеются некоторые сложности, связанные с фертильностью и однородностью поголовья. Так, несмотря на улучшение других показателей, индекс стельности дочерей остается отрицательным, а вариативность генетического потенциала остаётся высокой. Неравномерное распределение дочерей между быками и использование быков с различными генетическими профилями приводят к отсутствию закономерного снижения вариативности (А. А. Бахарев и др., 2022).

С учетом этих результатов можно рекомендовать продолжение работы над улучшением однородности стада и внимательное изучение генетических характеристик быков, особенно в отношении фертильности, чтобы снизить негативное влияние на этот показатель.

### ***3.4.2 Использование данных геномной оценки для ранжирования молодняка и выделения селекционных групп***

Ключевая роль геномной оценки заключается в возможности ранжировать животных в раннем возрасте по племенной ценности, выделить селекционные группы и в отношении каждой принять решения по осеменению, продаже или вырэнжировке.

При нормальном или близком к нормальному распределению значений племенной ценности поголовья выделение селекционных групп проводили по принципу «6 сигм», а также руководствовались ежегодно рассчитываемым переизбытком молодняка.

К лучшим отнесены животные, чей генетический потенциал племенной ценности по индексу LNMS выходит за пределы  $2\sigma$ , т. е. существенно отличается от среднего значения по популяции. Селекционная задача – максимально увеличить сохранность генотипов данной категории в популяции за счет применения сексированного семени, либо эмбриотрансфера.

К худшим относили животных, чья племенная ценность не достигает минус  $1\sigma$ . Однако достигнутый за счет использования сексированного семени избыток молодняка в ООО «Урожай XXI век» позволил отнести к данной категории большее количество животных – 30 % молодняка. В частности, при существующих показателях воспроизводства, сохранности молодняка и использовании сексированного семени на телках и первотелках (при первом осеменении) годовой приплод составляет 1058 телок при потребности хозяйства – 511. Селекционная задача – препятствовать сохранению худших генотипов за счет продажи, вырэн-

жировки, осеменения семенем мясных пород животных с низкой племенной ценностью.

Основная группа – животные между от минус  $1\sigma$  и до  $2\sigma$  (в случае ООО «Урожай XXI век»: от 30 % худших, до  $+2\sigma$ ). К ним применяется стандартная модель воспроизводства, обеспечивающая необходимый хозяйству выход молодняка.

В работе рассмотрено влияние на генетический потенциал поголовья выделение категории худших животных и ее использование в качестве приоритета при продаже нетелей.

Основным преимуществом данной стратегии является возможность в рамках существующего поколения животных изменить генетический потенциал стада за счет продажи/выбраковки худших. Однако существенным препятствием является нерегулярный спрос на животных в течение года и несоответствие запрашиваемого покупателями количества нетелей с количеством животных из категории худших, с подходящими возрастом или сроком стельности. В этих случаях специалистам хозяйства приходится либо вводить животных с нежелательными генотипами в стадо из-за отсутствия спроса в конкретный период, либо при повышенном спросе продавать животных из основной селекционной группы. Данное явление приводит к значительным отклонениям итогового генетического потенциала признаков стада от прогнозируемого.

К тому же, чаще всего такая стратегия применима в основном к нетелям или телкам возрастом до трех месяцев. Поэтому категория худших выделяется в рамках одного поколения (например, календарного года). Если животное из этой категории осталось в стаде, то дальнейшая корректировка стратегии в его отношении возможна только за счет осеменения традиционным семенем (не разделенным по полу).

Распределение по селекционным группам поголовья, рожденного в 2020 г., представлено на рисунке 24, а расчет генетического прогресса при отсечении худших – в таблице 37.

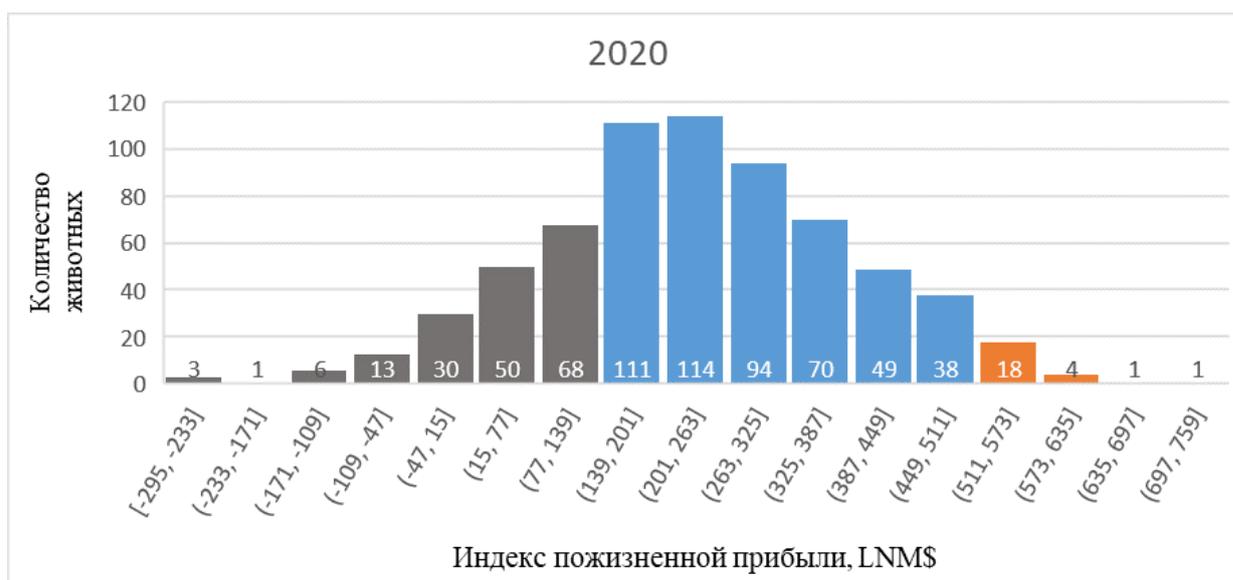


Рисунок 24 – Гистограмма распределения поголовья, рожденного в 2020 г., по селекционному индексу (LNMS\$). Лучшие животные – оранжевый, основная группа – синий, худшая группа – серый

Таблица 37 – Прогноз изменения генетического потенциала телочного поголовья 2020 г. при ранжировании поголовья по индексу LNMS\$ и отсечении 30 % худших

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Межкварт. размах
	LNMS\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	234	146	0,01	0,03	39	1,4	- 0,2	198
После отсечения худших	310	180	0,02	0,05	52	1,6	- 0,4	156
<b>Прогресс</b>	<b>76</b>	<b>34</b>	<b>0,01</b>	<b>0,02</b>	<b>13</b>	<b>0,3</b>	<b>- 0,2</b>	<b>43</b>

Прогноз свидетельствует о значительном повышении генетического потенциала средней племенной ценности. Рост индекса LNMS\$ составил 76 (см. таблицу 37). Стоит отметить, что фактический прогресс между 2020 и 2021 гг. составил

101. Таким образом, за счет ранжирования поголовья и отсеечения худших генотипов для этого поколения ускорение генетического прогресса может составить 80 %. Отмечено увеличение показателей продуктивности, здоровья и однородности поголовья. Однако снижение индекса стельности, ассоциированного с фертильностью, требует дополнительного внимания при дальнейшем закреплении быков.

Распределение по селекционным группам поголовья, рожденного в 2021 г., представлено на рисунке 25, а расчет генетического прогресса при отсечении худших – в таблице 38. Динамика изменения показателей сходна с динамикой поколения 2020 г. Однако обращает внимание существенное повышение однородности стада – более чем в 2 раза (см. таблицу 38). Процесс ранжирования и отсеечения худших привел к заметному улучшению большинства ключевых показателей, таких как удой, содержание жира, экономия корма и продуктивное долголетие. Несмотря на положительные изменения, стоит отметить небольшое снижение индекса стельности дочерей (DPR), что свидетельствует о влиянии выявленной ранее слабой отрицательной корреляции продуктивности и фертильности.

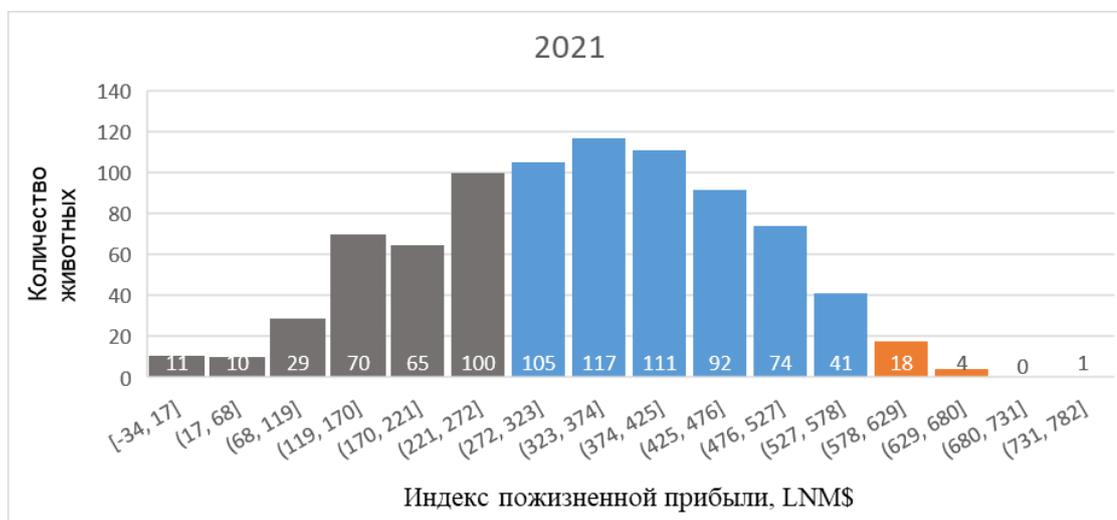


Рисунок 25 – Гистограмма распределения поголовья, рожденного в 2021 г., по селекционному индексу (LNMS\$). Лучшие животные – оранжевый, основная группа – синий, худшая группа – серый

Этот аспект требует дальнейшего анализа и, возможно, корректировок в стратегии отбора, чтобы избежать негативного влияния на репродуктивные показатели.

Таблица 38 – Прогноз изменения генетического потенциала телочного поголовья 2021 г. при ранжировании поголовья по индексу LNMS\$ и отсечении 30 % худших

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Межкварт. размах
	LNMS\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	335	203	0,02	0,05	65	1,6	– 0,5	199
После отсечения худших	405	237	0,02	0,07	78	1,9	– 0,6	90
<b>Прогресс</b>	<b>71</b>	<b>34</b>	<b>0,00</b>	<b>0,02</b>	<b>12</b>	<b>0,3</b>	<b>– 0,1</b>	<b>109</b>

Распределение по селекционным группам поголовья, рожденного в 2022 г., представлено на рисунке 26, а расчет генетического прогресса при отсечении худших – в таблице 39.

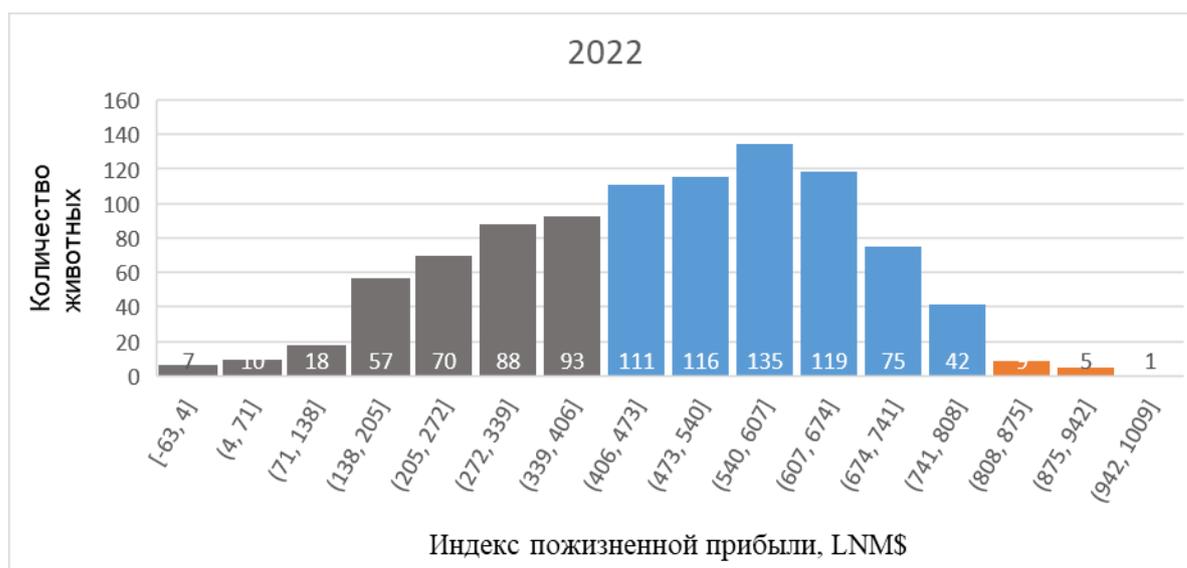


Рисунок 26 – Гистограмма распределения поголовья, рожденного в 2022 г., по селекционному индексу (LNMS\$). Лучшие животные – оранжевый, основная группа – синий, худшая группа – серый

Динамика изменения показателей сходна с динамикой поколения 2021 г. При этом следует отметить высокое увеличение удоя и сходное отсутствия прогресса генетического потенциала содержания белка.

Таблица 39 – Прогноз изменения генетического потенциала телочного поголовья 2022 г. при ранжировании поголовья по индексу LNМ\$ и отсециии 30 % худших

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Межкварт. размах
	LNМ\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	470	228	0,03	0,07	70	3,0	– 0,3	282
После отсециии худших	570	330	0,03	0,08	79	3,2	– 0,5	179
<b>Прогресс</b>	<b>99</b>	<b>102</b>	<b>0,00</b>	<b>0,01</b>	<b>9</b>	<b>0,2</b>	<b>– 0,2</b>	<b>103</b>

При этом прогресс по индексу LNМ\$ и удою превосходит показатели предыдущих годов. В первую очередь, это связано с большей вариативностью значений признаков данного поколения из-за использования быков антагонистичных по своим характеристикам. В связи с этим эффект отсециии худших, оказался выше, чем в поколениях с более низкой вариабельностью параметров.

Распределение по селекционным группам поголовья, рожденного в 2023 г., представлено на рисунке 27, а расчет генетического прогресса при отсециии худших – в таблице 40.

Динамика изменения показателей ключевых признаков наилучшая по сравнению с предыдущими годами. Ключевым отличием является положительная направленность для всех ключевых признаков продуктивности и здоровья. При этом сохраняется на прежнем уровне генетический потенциал фертильности.

Вероятно, это стало возможным благодаря изначально большей однородности показателей у животных за счет более равномерного распределения осеменений по быкам.

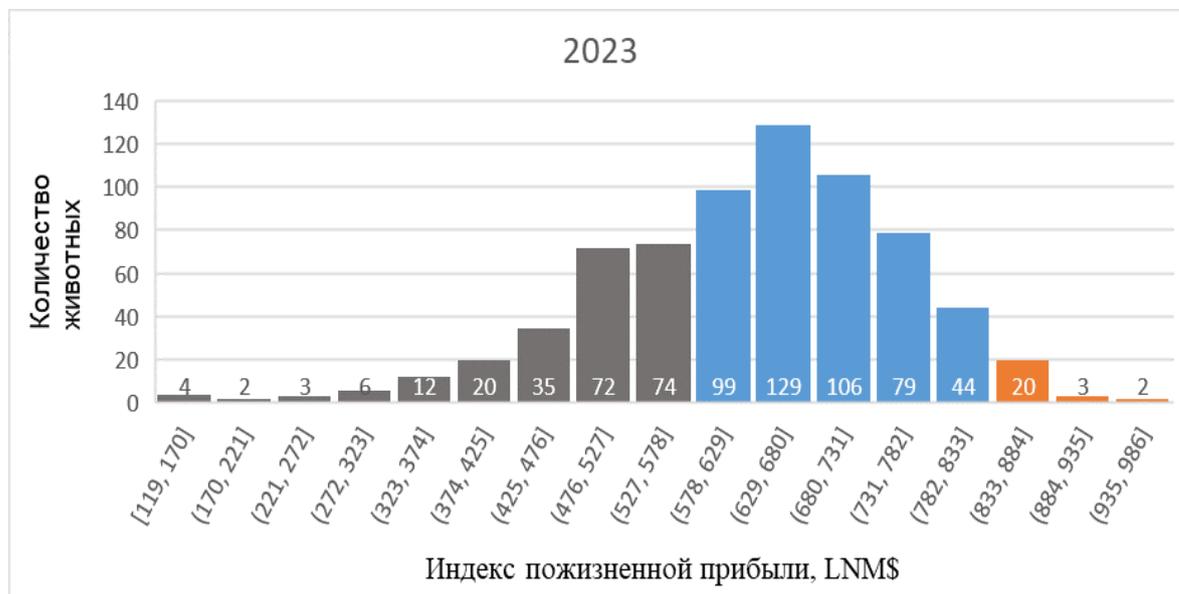


Рисунок 27 – Гистограмма распределения поголовья, рожденного в 2023 г., по селекционному индексу (LNMS). Лучшие животные – оранжевый, основная группа – синий, худшая группа – серый

Таблица 40 – Прогноз изменения генетического потенциала телочного поголовья 2023 г. при ранжировании поголовья по индексу LNMS и отсечении 30 % худших

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Межкварт. размах
	LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	626	338	0,03	0,11	81	3,3	-0,5	174
После отсечения худших	694	377	0,04	0,13	92	3,5	-0,5	108
<b>Прогресс</b>	<b>67</b>	<b>39</b>	<b>0,01</b>	<b>0,02</b>	<b>11</b>	<b>0,2</b>	<b>0,0</b>	<b>66</b>

Таким образом, геномная оценка дает возможность детально оценить племенную ценность каждого животного и, соответственно, выделить группы для дальнейшего осеменения, продажи или выбраковки. В условиях нормального или близкого к нему распределения значений племенной ценности выделение селекционных групп осуществляется по принципу «6 сигм», что позволяет идентифицировать животных с экстремальными значениями и эффективно управлять их будущим использованием. На примере расчетов ООО «Урожай XXI век», применяя стратегию племенной продажи не менее 30% худшего поголовья, возможно добиться заметного улучшения ключевых показателей, таких как удой, содержание белка и жира, а также увеличения общего индекса племенной ценности LNM\$.

### **3.5 Разработка селекционной системы разведения молочного скота с использованием данных геномной оценки**

Полученные данные о возможности прогнозирования племенной ценности потомства, корреляции результатов геномной оценки с фактическими данными о продуктивности и изменении племенной ценности при «отсечении» худших животных позволяют составить эффективный комплексный подход в управлении генетическим потенциалом стада. При формировании селекционной стратегии для ООО «Урожай XXI век» стоит выделить следующие мероприятия:

- 1) определение параметров генетического профиля стада, имеющие отрицательную динамику;
- 2) выделение селекционные группы;
- 3) подбор быков и типа семени;
- 4) составление прогноза изменения генетического потенциала и фактических показателей продуктивности стада.

Исходя из результата оценки селекционной работы ООО «Урожай XXI век» в предыдущих разделах, отмечено, что наименьшей динамикой роста обладают

признаки фертильности (индекс стельности дочерей) и содержания белка. Поэтому наряду с планомерным повышением остальных признаков необходимо уделить им большее внимание при подборе быков и индивидуальном закреплении.

При выделении селекционной группы худших животных необходимо учесть, что ООО «Урожай XXI век» является товарным хозяйством, поэтому продажа нетелей в период с 2020 по 2023 гг. имела нерегулярный характер и фактический результат изменения генетического потенциала стада был в среднем в 2 раза ниже ожидаемого (прибавка в племенной ценности по индексу LNMS\$ для поголовья 2020 г. составила 34\$). В связи с этим со специалистами хозяйства была разработана стратегия использования семени быков мясной породы (абердин-ангусской) на животных с низкой племенной ценностью. Основным преимуществом данной стратегии является возможность работать в рамках всего генотипированного поголовья, ориентируясь только на племенную ценность животного вне зависимости от его возраста. Тем самым блокируется передача потомству генотипов с низким потенциалом племенной ценности. Недостатком стратегии является необходимость ввода в дойное стадо всех животных, в том числе и с низким генетическим потенциалом. Однако, такой подход оптимален для товарных хозяйств, которые имеют собственную мясную переработку или рынок сбыта кроссбредного молодняка.

Разделение на селекционные группы всего генотипированного поголовья представлено на рисунке 28. Всего под осеменение семенем абердин-ангусских быков в 2024 г. выделена группа численностью 955 гол., среди которых 57 – телки, 447 – первотелки, 451 – вторая лактация.

Подбор быков молочного направления для осеменения основной селекционной группы (2230 гол.) осуществлен исходя установленных селекционных задач: сохранить темпы роста ключевых показателей, сделать акцент на фертильности и компонентах молока (таблица 41). Индекс стельности дочерей (DPR) в среднем по группе быков составил 0,3 %, содержания белка – 0,1 %, жира – 0,27 %. При этом разница в племенной ценности между лучшим и худшим быком по индексу LNMS\$ составляет всего 141\$, что должно обеспечить еще большую однородность показателей следующего поколения. Для поддер-

жания необходимого количества ремонтного молодняка основную группу решено осеменить сексированным семенем.

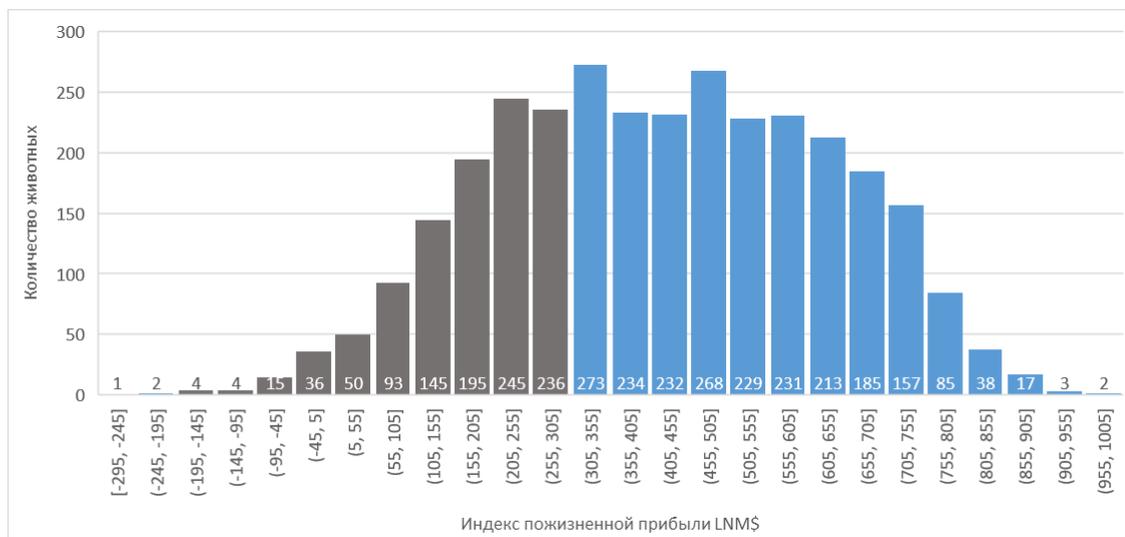


Рисунок 28 – Гистограмма распределения поголовья по селекционному индексу (LNMS\$). Основная группа – синий, худшая группа – серый

Таблица 41 – Показатели быков-производителей, закрепленных для осеменения основной группы в 2024 г.

Кличка/код	Результаты геномной оценки (ППС)							Генотип		
	LNMS\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	CSN2	CSN3	LGB
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
LOCKSTEP 001HO16537	1291	608	0,09	0,26	120	6,8	-0,6	A1A2	AB	AB
PALINDROME 001HO16493	1212	303	0,11	0,3	197	6,9	1,3	A1A2	BB	AA
OLYMPUS 001HO16292	1200	461	0,1	0,3	58	6,7	0	A2A2	AB	AB

Продолжение таблицы 41

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
THUNDERBOLT 001HO16619	1178	484	0,1	0,21	64	7	1	A1A2	BB	AB
RUEDINGER 001HO16638	1170	339	0,11	0,3	133	6,3	0,3	A2A2	AB	AB
SPOOKABULL 001HO16491	1160	580	0,07	0,18	136	6,9	0,4	A1A2	BE	AB
NEOWISE 001HO15823	1150	399	0,09	0,31	150	5,5	-0,4	A2A2	AB	AB
<b>Среднее</b>	<b>1194</b>	<b>453</b>	<b>0,10</b>	<b>0,27</b>	<b>123</b>	<b>6,6</b>	<b>0,3</b>			

Также при подборе быков принята во внимание взаимосвязь полиморфных вариантов генов CSN2, CSN3, LGB и ППС показателей. Основной акцент сделан на исключение быков с генотипом AA по гену LGB в связи с его негативным влиянием на фертильность

Ввиду того, что объем основной группы позволяет сделать прогноз племенной ценности ожидаемого потомства с погрешностью не выше 0,5 % по индексу LNM\$, проведен расчет изменения генетического потенциала стада при случайном осеменении молочными быками в равных долях как всего генотипированного поголовья, так и только основной группы (таблица 42).

При таком подходе темпы генетического прогресса ниже, чем при теоретических расчетах племенной продажи худших животных. Однако данная стратегия легко контролируема и при должном уровне менеджмента прогнозируемый генетический прогресс будет совпадать с фактическим.

Высокая корреляция ППС удоя и фактического удоя первотелок позволяет оценить ожидаемый фактический прогресс продуктивности. Так, на рисунке 29 представлен средний удои первотелок, имеющих ППС удоя в диапазоне ( $< 0$ ); (0–250); (251–500); ( $> 500$ )

Таблица 42 – Прогноз изменения генетического потенциала ключевых признаков при осеменении 30 % худших животных по племенной ценности семенем быков мясных пород

Показатель	LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	Межкварт. размах
Потомство от всего генотипированного поголовья	807	341	0,06	0,17	94	4,5	- 0,1	327
Потомство от основной группы	847	369	0,06	0,17	99	4,6	- 0,1	239
<b>Прогресс</b>	<b>40</b>	<b>28</b>	<b>0,00</b>	<b>0,01</b>	<b>6</b>	<b>0,1</b>	<b>0,0</b>	<b>88,0</b>

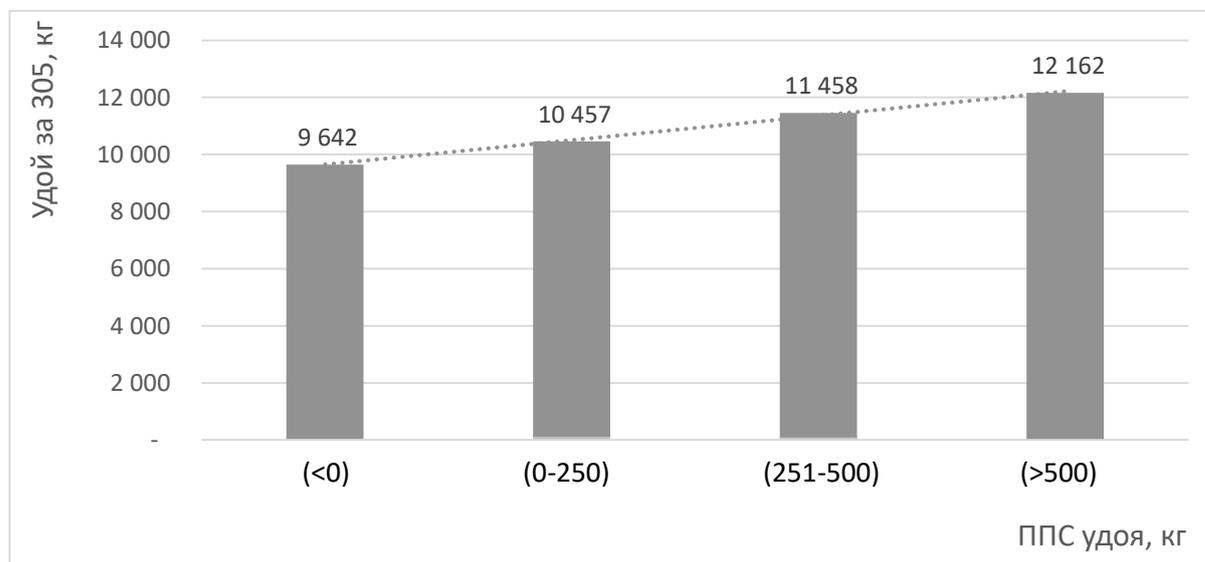


Рисунок 29 – Средний удой первотелок в зависимости от ППС удоя

Средний ППС удоя по генотипированному поголовью составляет 229 кг. Это соответствует фактическому удою первотелок с таким же генетическим потенциалом – 10457 кг за 305 дней лактации. При выполнении всех селекционных меро-

приятый в 2024 г., ожидаемый уровень ППС удоя потомства составит 369 кг, что в среднем соответствует 11458 кг за 305 дней лактации или дополнительные ~1000 кг на голову за первую лактацию.

Таким образом, на основе проведенной оценки племенной работы в ООО «Урожай XXI век» можно сформулировать выводы и рекомендации для оптимизации селекционной стратегии предприятия. В первую очередь, необходимо сосредоточить внимание на признаках, которые показывают наименьшую динамику роста. В этом контексте важно уделить большее внимание при подборе быков и индивидуальном закреплении для повышения этих показателей.

Для повышения генетического потенциала стада была разработана схема осеменения худших животных семенем абердин-ангусских быков. Этот подход позволяет блокировать передачу потомству генотипов с низким потенциалом племенной ценности, что особенно важно для товарных хозяйств, таких как ООО «Урожай XXI век». Недостатком данной стратегии является необходимость ввода в дойное стадо всех животных, в том числе с низким генетическим потенциалом, но она эффективна для предприятий, которые имеют свою мясную переработку или рынок сбыта кроссбредного молодняка.

В результате осеменения худших 30% животных семенем быков мясных пород ожидается генетический прогресс, выражающийся в улучшении показателей LNMS\$, удоя, содержания белка и жира, а также других ключевых характеристик. Несмотря на то, что темпы генетического прогресса ниже, чем при продаже худших животных, данный подход легко контролируем и позволяет прогнозировать генетический прогресс с высокой степенью точности. Это особенно важно для товарных хозяйств, где необходимо сохранять стабильность и управляемость производственных процессов.

В целом, предложенные меры позволяют рассчитывать на стабильное улучшение генетического потенциала стада и повышение фактической продуктивности. Прогнозируемое увеличение среднего удоя первотелок до 11458 кг за 305 дней лактации подтверждает эффективность выбранной селекционной страте-

гии. Таким образом, при условии выполнения всех селекционных мероприятий в 2024 г., можно ожидать существенное повышение генетического и производственного потенциала стада ООО «Урожай XXI век».

#### 4 ЭКОНОМИЧЕСКАЯ ЭФФЕКТИВНОСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ОЦЕНКИ КРС

В исследовании экономической эффективности использованы показатели 292 генотипированных первотелки с закрытой первой лактацией, среди которых 263 первотелки 2020 г.р. и 29 первотелок 2021 года рождения. Для удобства расчетов обе группы животных были объединены. Полученные данные о фактической продуктивности за 305 дней лактации позволили оценить эффект ранжирования поголовья по селекционному индексу LNM\$ на среднюю продуктивность и экономику хозяйства (таблица 43).

Таблица 43 – Прогноз изменения генетического потенциала ключевых признаков и фактической продуктивности 292 первотелок года при отсечении 30 % худших животных по индексу LNM\$

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Фактический удой за 305 дней, кг
	LNM\$	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. долголет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	274	166	0,02	0,04	41	1,5	– 0,3	10 839
После отсечения худших	339	196	0,02	0,06	53	1,8	– 0,5	10 900
<b>Прогресс</b>	<b>65</b>	<b>31</b>	<b>0,00</b>	<b>0,02</b>	<b>12</b>	<b>0,3</b>	<b>– 0,2</b>	<b>61</b>

Учитывая рассчитанную ранее корреляцию селекционного индекса LNM\$ и фактического удоя (0,08), прибавка 61 кг за лактацию на голову – ожидаемый уровень прогресса фактических показателей продуктивности. При этом отмечается увеличение генетического потенциала содержания жира с 0,04 до 0,06 % и экономии корма – с 41 до 53 кг.

Прибавка в продуктивном долголетии составила 0,3. Слабая отрицательная корреляция между фактическим удоем и индексом стельности ( $-0,07$ ) выражена в снижении данного показателя на 0,2 %. Расчет экономического эффекта (при условии продуктивной жизни животных в течение трех лактаций) представлен в таблице 44.

Таблица 44 – Расчет дополнительной прибыли на голову за счет увеличения продуктивности после ранжирования поголовья

Показатель	Значение
Прибавка продуктивности за 305 дней лактации на первотелку, кг	61
Количество первотелок после ранжирования и отсеечения худших	204
Валовая прибавка за 305 дней за первую лактацию, кг	12 444
Валовая прибавка за вторую лактацию (+ 15 % от первой лактации), кг	14 311
Валовая прибавка за вторую лактацию (+ 20 % от первой лактации), кг	14 933
Средняя стоимость 1 л молока в 2023 г., руб.	35
Дополнительная выручка на голову за три лактации, руб.	1 459 080
Затраты на геномную оценку на голову, руб.	5 500
Затраты на геномную оценку, руб.	1 122 000
Дополнительная прибыль, руб.	337 080
<b>Дополнительная прибыль на голову, руб.</b>	<b>1 652</b>

Точная сумма дополнительной прибыли может меняться от года к году в зависимости от уровня генетического прогресса, количества животных, стоимости литра молока, продолжительности нахождения животного в дойном стаде, уровне выбытия и вынужденной выбраковки и др. В модели не учитывается экономический эффект от повышения генетического потенциала содержания компонентов молока, улучшения показателей здоровья и конверсии корма ввиду сложности измерения этих показателей у каждого отдельного животного.

Так как в 2020 г. фактически прогенотипирована 671 гол., то после отсеечения 30 % худших животных первую лактацию закончили бы 470 первотелок. Таким образом, дополнительная прибыль для 470 животных, согласно нашей модели, составляет 776 440 руб.

Принимая во внимание корреляцию генетического потенциала по удою с фактической продуктивностью (0,49), возможно ранжирование поголовья по геномному показателю удою и получения большего экономического эффекта от увеличения продуктивности на голову. Однако, учитывая отрицательную корреляцию фактической продуктивности с генетическим потенциалом компонентов молока и фертильности, селекция по одному признаку может значительно увеличить издержки от ухудшения показателей здоровья, фертильности, содержания жира и белка.

Расчет изменения генетического потенциала ключевых признаков и фактической продуктивности при ранжировании 292 первотелок по геномному удою представлен в таблице 45.

Таблица 45 – Прогноз изменения генетического потенциала ключевых признаков и фактической продуктивности 292 первотелок года при отсечении 30 % худших животных по геномному потенциалу удою

Показатель	Результаты геномной оценки (ППС)							Фактический удою за 305 дней, кг
	LNMS	Удой, кг	Белок, %	Жир, %	Эконом. корма, кг	Продукт. дололет., мес	Индекс стельности дочерей, %	
До ранжирования	274	166	0,02	0,04	41	1,5	– 0,3	10 839
После отсечения худших	301	256	0,01	0,03	46	1,5	– 0,7	11 191
<b>Прогресс</b>	<b>27</b>	<b>90</b>	<b>– 0,01</b>	<b>– 0,01</b>	<b>5</b>	<b>0</b>	<b>– 0,4</b>	<b>352</b>

Прибавка за 305 лактаций на голову составила 352 кг, что в 5,8 раз больше, чем при ранжировании поголовья по селекционному индексу. При этом четко видна тенденция к снижению скорости генетического прогресса для показателей, где выявлена слабая положительная корреляция с фактическим удою, а в случае наличия отрицательной корреляции (в частности содержание жира и

белка в процентах, фертильность) отмечен значительный регресс показателей. Для расчета дополнительной прибыли на голову использованы те же условия алгоритм, что и в случае ранжирования поголовья по селекционному индексу LNM\$ (таблица 46).

Таблица 46 – Расчет дополнительной прибыли на голову за счет увеличения продуктивности после ранжирования поголовья

Показатель	Значение
Прибавка продуктивности за 305 дней лактации на первотелку, кг	352
Количество первотелок после ранжирования и отсеечения худших	204
Валовая прибавка за 305 дней за первую лактацию, кг	71 808
Валовая прибавка за вторую лактацию (+ 15 % от первой лактации), кг	82 579
Валовая прибавка за вторую лактацию (+ 20 % от первой лактации), кг	86 169
Средняя стоимость 1 л молока в 2023 г., руб.	35
Дополнительная выручка на голову за три лактации, руб.	8 419 460
Затраты на геномную оценку на голову, руб.	5 500
Затраты на геномную оценку, руб.	1 122 000
Дополнительная прибыль, руб.	7 297 460
<b>Дополнительная прибыль на голову, руб.</b>	<b>35 771</b>

Для 407 гол., родившихся в 2020 г., дополнительная прибыль, согласно модели, составляет 14 559 204 руб., что в ~19 раз больше экономического эффекта от ранжирования поголовья и отсеечения худших по селекционному индексу.

Основная проблема заключается в отрицательной корреляции между фактической продуктивностью и генетическим потенциалом компонентов молока и фертильности. Селекция только по удою может привести к значительным экономическим издержкам из-за ухудшения здоровья, фертильности и содержания жира и белка в молоке. Увеличение сервис-периода вследствие снижения фертильности может повысить средний день доения, что напрямую влияет на суточный удой в хозяйстве.

Таким образом, для достижения устойчивого экономического эффекта и поддержания высокого уровня продуктивности необходимо использовать сбалансированный подход к селекции. Учитывая важность всех ключевых показателей – удою, содержания компонентов молока и фертильности – рекомендуется комбинировать различные генетические показатели для оптимального улучшения продуктивных качеств молочного скота без ущерба для здоровья и общей продуктивности стада.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенных исследований разработана и внедрена комплексная система совершенствования продуктивных качеств молочного скота голштинской породы на основе методов геномной и маркерной селекции. На основании проведенных исследований, сделаны следующие выводы:

1. Установлена корреляция основных геномных признаков с фактическими показателями продуктивности. Для ППС удоя она составляет  $r = 0,49$ ; для ППС содержания белка –  $r =$  минус  $0,34$ ; для ППС содержания жира –  $r =$  минус  $0,30$ ; для ППС экономии корма –  $r = 0,05$ ; для ППС индекса стельности дочерей –  $r =$  минус  $0,07$ ; для ППС продуктивного долголетия –  $r =$  минус  $0,04$ , для индекса LNM –  $r = 0,08$ .

2. Выявлен уровень корреляции между прогнозируемыми по родителям и оцененными по геному значениями признаков: LNM\$ –  $r = 0,83$ ; ППС удоя –  $r = 0,66$ ; ППС содержания белка –  $r = 0,64$ ; ППС содержания жира –  $r = 0,67$ ; ППС экономии корма –  $r = 0,75$ ; ППС индекса стельности дочерей –  $r = 0,63$ , ППС продуктивного долголетия –  $r = 0,68$ . Отклонения прогнозируемых значений от фактических данных для LNM\$ – минус  $3 \pm 5,6$ \$. Расчеты отклонений прогнозируемых значений от фактических демонстрируют высокую надежность прогнозов средней племенной ценности по поколению. Установлено минимальное количество родительских пар, сохраняющих показатели вариабельности при составлении прогноза – 357 пар.

3. Установлены частоты встречаемости аллелей и генотипов генов CSN3, CSN2, LGB. Генотип EE по гену CSN3 показывает наибольшие значения в ППС содержание белка (0,03 %) и жира (0,08 %), ППС экономии корма (плюс 26 кг) и ППС продуктивного долголетия (плюс 2 мес). Генотипом AB ассоциирован с наибольшей продуктивностью – 10 928 кг за 305 дней лактации.

4. Для гена CSN2 не выявлено достоверных различий в показателях признаков между генотипами. Для генотипа AB по гену LGB выявлена наибольшая

продуктивность – 10 858 кг за 305 дней лактации. Генотип АА при более низкой продуктивности ассоциирован с высокими показателями фертильности (ППС индекса стельности дочерей – плюс 0,1 %).

5. Определена необходимость использования распределения Гаусса и его оценка на нормальность для выделения селекционных групп. Минимальным порогом для определения худших животных определена граница минус одного стандартного отклонения. К лучшим животным следует относить особей, находящихся в распределении за двумя стандартными отклонениями. Установлено, что продажа / выранжировка группы худших животных в рамках одного поколения дает наибольший генетический прогресс – 67\$ – 99\$ (по индексу LNМ\$). Генетический прогресс при использовании семени быков мясных пород на группе худших животных в пределах всего маточного поголовья составляет 40\$ (по индексу LNМ\$)

6. Разработана и внедрена стратегия геномной селекции, включающая оценку генетического потенциала маточного поголовья; выявление показателей, требующих особого внимания; выделение селекционных групп по результатам ранжирования, подбор быков и выбор стратегии, препятствующей сохранению/передаче худших генотипов. Сформированная стратегия позволила улучшить показатели потомства (2023 г.р.) по сравнению с показателями матерей (2020–2021 г.р.): LNМ\$, ППС удоя, содержания белка, продуктивного долголетия – в 2 раза, ППС жира – в 3 раза, ППС экономии корма – в 1,5 раза. Увеличена однородность стада по селекционному индексу: меж-квартильный размах снижен на 25\$.

7. Расчет экономической эффективности показал, что при ранжировании поголовья по индексу LNМ\$ и дальнейшей продаже худших животных дополнительная прибыль составила 1 652 руб. на голову. В случае ранжирования по результатам геномной оценки потенциала удоя (ППС) дополнительная прибыль составила 35 770 руб. на голову, однако отмечено значительное снижение генетического потенциала поголовья по другим показателям: ППС содержания белка (минус 0,01 %) и жира (минус 0,03 %), ППС экономии корма (минус 7 кг), ППС индекса стельности дочерей (минус 0,02).

### **Предложения производству**

С целью дальнейшего совершенствования продуктивных качеств молочного скота голштинской породы, повышения эффективности отрасли, ускорения генетического прогресса рекомендуется использовать:

- результаты геномной оценки при определении селекционных групп и типа семени на основе генотипирования телочного поголовья до возраста первого осеменения;

- ранжирование поголовья по комплексным селекционным индексам;

- выборку не менее 357 гол. маточного поголовья для достижения точности прогноза племенной ценности следующего поколения при закреплении быков производителей;

- к категории худших животных относить особей, чьи значения племенной ценности при распределении ниже минус  $1\sigma$ , при переизбытке молодняка – увеличивать их количество за счет животных с племенной ценностью в диапазоне от минус  $1\sigma$  до плюс  $1\sigma$ .

### **Перспективы дальнейших исследований**

В дальнейшем планируется изучение корреляции результатов генотипирования с фактическим уровнем оплодотворяемости, сервис-периодом, выбытием, заболеваемости маститом, содержанием жира и белка в молоке. Также запланированы аналогичные исследования на животных более низкой кровностью голштинской породы (менее 94 %).

**СПИСОК ИСПОЛЬЗУЕМЫХ СОКРАЩЕНИЙ**

CDCB

(Council of Dairy Cattle Breeding) Совет по разведению молочного скота

LNM\$ (Lifetime net merit) Индекс пожизненной прибыли

CSN3 Ген белка  $\kappa$ -казеинCSN2 Ген белка  $\beta$ -казеинLGB Ген белка  $\beta$ -лактоглобулин

ППС Прогнозируемая передающая способность

СПС Стандартизированная передающая способность

FSAV (Feed Saved) Экономия корма

PL (Productive Life) Продуктивное долголетие

DPR (Daughter Pregnancy Rate) Индекс стельности дочерей

**СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ**

1. Абдулрахман, Х. Разработка метода геномной оценки племенной ценности поголовья крупного рогатого скота молочного направления продуктивности по признакам фертильности и лёгкости отела / Х. Абдулрахман, А. Мазур, А. Чердакли // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии. – 2019. – С. 111–113.
2. Баженова, И. Ю. Влияние геномной оценки быков-производителей на продуктивные качества их дочерей / И. Ю. Баженова // Молодежь и наука. – 2019. – № 4. – С. 22.
3. Бойко Е. Г. Перспективы использования геномного анализа при разведении и селекции крупного рогатого скота / Е. Г. Бойко // Аграрный вестник Урала. – 2009. – №. 10. – С. 33–34.
4. Влияние комплексных генотипов генов каппа-казеин (CSN3) и бета-лактоглобулин (LGB) на молочную продуктивность голштинского скота / Н. Ю. Сафина, Э. Р. Гайнутдинова, Ф. Ф. Зиннатова (и др.) // Аграрный научный журнал. – 2020. – № 5. – С. 64–67.
5. Геномная оценка инбридинга у крупного рогатого скота холмогорской, ярославской и голштинской пород / А. С. Абдельманова, А. В. Доцев, А. И. Мишина (и др.) // Молочное и мясное скотоводство. – 2019. – № 8. – С. 21–23.
6. Геномная оценка племенной ценности и генотипирование животных // KSITEST : сайт. – 2024. – URL : [https://ksitest.ru/about\\_us](https://ksitest.ru/about_us) (дата обращения: 10.03.2024)
7. Горлов, И. Ф. Бета-казеин: известный, но не познанный / И. Ф. Горлов, О. В. Сычева, Л. В. Кононова // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 6. – С. 18–19.
8. Гырнец, Е. А. Взаимосвязь результатов геномной оценки с фактическими показателями продуктивности популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / Е. А. Гырнец // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2023. – № 108. – С. 148–155.

9. Гырнец, Е. А. Изучение наследования племенной ценности у крупного рогатого скота голштинской породы в зависимости от показателей геномной оценки / Е. А. Гырнец, А. Г. Коцаев // Современные достижения в генетике и селекции сельскохозяйственных животных : материалы Международной научно-практической конференции, посвященной празднованию 120-летия ФГБОУ ВО СПбГАУ. – Санкт-Петербург, 2024. – С. 29–31.

10. Гырнец, Е. А. Прогнозирование племенной ценности молодняка крупного рогатого скота голштинской породы по данным геномной оценки матерей и быков-производителей / Е. А. Гырнец, А. Г. Коцаев // Современное состояние и перспективы селекционно-племенной работы в животноводстве : сборник научных трудов по материалам Международной научно-практической конференции. – Москва, 2024. – С. 63–66.

11. Зиннатова, Ф. Ф. Взаимосвязь полиморфизма гена бета-лактоглобулин с молочной продуктивностью у коров и коров первотелок / Ф. Ф. Зиннатова, А. М. Алимов, Ф. Ф. Зиннатов // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. – 2012. – Т. 211, № 3. – С. 206–209.

12. Изменение генетического потенциала удоя в популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота при различном уровне прогнозируемой передающей способности быков-производителей / Е. А. Гырнец, А. Э. Будько, Т. С. Святенко, А. Г. Коцаев // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2022. – № 101. – С. 204–209.

13. Илькив Н. Генетика КРС: новые возможности / Н. Илькив // ЭФФЕКТИВНОЕ ЖИВОТНОВОДСТВО Учредители: Общество с ограниченной ответственностью "Институт развития сельского хозяйства". – 2022. – №. 3. – С. 62–71.

14. Калашникова, Л. А. Влияние генотипа каппа–казеина на молочную продуктивность коров черно-пестрой породы / Л. А. Калашникова, Е. А. Денисенко, А. Ш. Тинаев // Зоотехническая наука Беларуси. – 2004. – Т. 39. – С. 50–55.

15. Катмаков, П. С. Биометрия / П. С. Катмаков, В. П. Гавриленко, А. В. Бушов ; под общ. ред. П. С. Катмакова. – Изд. 2-е, перераб. и доп. – М. : Юрайт, 2019. – 177 с.

16. Кощаев, А. Г. Корреляция геномной оценки признаков с продуктивностью первотелок голштинской породы / А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. – 2024. – № 8 – С. 132–138.

17. Кощаев, А. Г. Оптимизация идентификации аллелей гена CSN2 крупного рогатого скота / А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец // Инновационные подходы к повышению продуктивности сельскохозяйственных животных: материалы Международной научно-практической конференции, посвященной 100-летию Кубанского государственного аграрного университета имени И. Т. Трубилина. – Краснодар, 2021. – С. 130–134.

18. Кощаев, А. Г. Прогноз племенной ценности потомства в популяции крупного рогатого скота по результатам геномной оценки родителей / А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец // Ученые записки казанского государственного ветеринарного института им. Н.Э. Баумана. – 2024. – Т. 259 – С. 100–104.

19. Кощаев, А. Г. Частота встречаемости генотипов гена бета-казеина в популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2021. – № 93. – С. 310.

20. Лоретц, О. Г. Влияние генотипа каппа-казеина на технологические свойства молока / О. Г. Лоретц, Е. В. Матушкина // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 3. – С. 23–26.

21. Лысенко, Ю. А. Геномная селекция – настоящее и будущее животноводства / Ю. А. Лысенко // Эффективное животноводство. – 2021. – № 5. – С. 78–86.

22. Молочная продуктивность коров-первотелок разных породных групп черно-пестрого скота в зависимости от полиморфизма гена бета-казеина / С. О. Снигирев, С. А. Ламонов, И. А. Скоркина (и др.) // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2023. – № 1. – С. 86.

23. Нардин, Д. С. Функциональные возможности программного продукта для зоотехнического и племенного учета «СЕЛЭКС–Молочный» / Д. С. Нардин, А. И. Малинина // Электронный научно-методический журнал Омского ГАУ. – 2015. – № 3. – С. 10–15.

24. Наследование племенной ценности быков-производителей в популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец, Т. С. Святенко, А. Э. Будько // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2022. – № 100. – С. 270–275.

25. Оценка быков-производителей голштинской породы в условиях крупного молочного комплекса / А. А. Бахарев, О. М. Шевелёва, В. О. Цыганок, А. М. Бекшенова, А. Г. Кощаев, Е. А. Гырнец // Труды Кубанского государственного университета. – 2022. – № 100. – С. 199–204.

26. Полногеномный анализ ассоциаций с продуктивными и репродуктивными признаками у молочного скота в российской популяции голштинской породы / А. А. Сермягин, Е. А. Гладырь, С. Н. Харитонов, А. Н. Ермилов, Н. И. Стрекозов, Г. Брем, Н. А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. – 2015. – Т. 51, № 2. – С. 182–193.

27. Применение геномной оценки в селекционно-племенной работе животноводческих предприятий : метод. Рекомендации / сост. Е. А. Гырнец [и др.]. – Краснодар : КубГАУ, 2024. – 31 с.

28. Применение репродуктивных технологий для повышения эффективности геномной селекции молочного крупного рогатого скота / Н. С. Юдин, К. И. Лукьянов, М. И. Воевода (и др.) // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2015. – Т. 19, № 3. – С. 277–285.

29. Разработана система оценки крупного рогатого скота для повышения надоев // new.ras.ru : сайт. – 2024. – URL : <https://new.ras.ru/activities/news/razrabotana-sistema-otsenki-krupnogo-rogatogo-skota-dlya-povysheniya-nadoev/> (дата обращения – 10.03.2024).

30. Региональная система геномной оценки как базовый элемент национальной программы генетического совершенствования крупного рогатого скота / А. А. Сермягин, А. Н. Ермилов, И. Н. Янчуков (и др.) // Молочное и мясное скотоводство. – 2017. – № 7. – С. 3–7.

31. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2022623609. Пастбищный индекс прибыли телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного

рогатого скота / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец, А. В. Милованов, Д. С. Савенкова, Е. Ю. Гырнец, Х. А. Амерханов, В. А. Солошенко. – Дата регистрации: 22.12.2022.

32. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2022623611. Индекс прибыли по сыру телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец, А. В. Милованов, Д. С. Савенкова, Е. Ю. Гырнец, Т. С. Святенко, Е. А. Тяпугин. – Дата регистрации: 22.12.2022.

33. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2023620176. Индекс пожизненной прибыли телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец, А. В. Милованов, Д. С. Савенкова, Е. Ю. Гырнец, А. Э. Рыль, И. М. Дунин. – Дата регистрации: 12.01.2023.

34. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2023621266. Индекс прибыли по молоку телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец, А. В. Милованов, Д. С. Савенкова, Е. Ю. Гырнец, Н. А. Балакирев, А. И. Клименко. – Дата регистрации: 19.04.2023.

35. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2023622622. Общий производственный индекс крупного рогатого скота голштинской породы / Е. А. Гырнец, А. Г. Кощяев, И. М. Дунин, А. Э. Будько, Т. С. Святенко, А. Г. Исаева, Е. Ю. Гырнец, А. В. Лихоман. – Дата регистрации: 31.07.2023.

36. Свидетельство о регистрации базы данных RU 2023622625. Индекс здоровья маточного поголовья крупного рогатого скота голштинской породы / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец, Х. А. Амерханов, А. Э. Будько, Т. С. Святенко, Н. А. Балакирев, Е. Ю. Гырнец, В. В. Редько. – Дата регистрации: 31.07.2023.

37. Система геномной оценки скота: первые результаты / Н. А. Зиновьева, Н. И. Стрекозов, И. Н. Янчуков., А. Н. Ермилов, Г. В. Ескин // Животноводство России. – 2015. – № 3. – С. 27–29.

38. Современные технологии генетического совершенствования молочного крупного рогатого скота / А. А. Сермягин, Е. А. Гладырь, О. С. Романенкова,

Н. А. Зиновьева ; под ред. И. Н. Жарова // Племенная работа в животноводстве Московской области и г. Москвы (2015 г.). – М. : ОАО «Московское» по племенной работе», 2016. – С. 14–22.

39. Столповский Ю. А. Геномная селекция. I. Последние тенденции и возможные пути развития / Ю. А. Столповский, А. К. Пискунов, Г. Р. Свищева // Генетика. – 2020. – Т. 56. – №. 9. – С. 1006–1017.

40. Тележенко, Е. В. Влияние геномной селекции на стратегию развития племенного молочного животноводства / Е. В. Тележенко // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 3. – С. 3–6.

41. Харламов, А. В. Влияние генов каппа-казеина и лактоглобулина на молочную продуктивность коров и белковый состав молока (обзор) / А. В. Харламов, В. А. Панин, В. И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2020. – № 1. – С. 193–197.

42. Эффективность определения генетических качеств коров на основе метода BLUP / Е. Е. Мельникова, И. Н. Янчуков, Н. А. Зиновьева (и др.) // Достижения науки и техники АПК. – 2016. – Т. 30, № 11. – С. 94–96.

43. Эффективность разведения современного голштинизированного чернопестрого скота / А. С. Горелик, О. В. Горелик, М. Б. Ребезов, О. П. Неверова, С. Ю. Харлап, Е. А. Гырнец // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2022. – № 100. – С. 205–213.

44. A COL2A1 de novo variant in a Holstein bulldog calf / I. M. Hälfinger, H. Behn, M. Freick (et al.) // Animal genetics. – 2018. – Vol. 50, № 1. – P. 113–114.

45. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions / M. S. Lund, A. P. W. de Roos, A. G. de Vries (et al.) // Genetics Selection Evolution. – 2011. – Vol. 43. – P. 1–8.

46. A note on the evaluation of a beta-casein variant in bovine breeds by allele-specific PCR and relevance to  $\beta$ -casomorphin / A. F. Keating, T. J. Smith, R. P. Ross (et al.) // Irish Journal of Agricultural and Food Research. – 2008. – P. 99–104.

47. Abdulrahman, K. Genomic Estimated Breeding Value of Milk Performance and Fertility Traits in the Russian Black-and-White Cattle Population/ K. Abdulrahman,

F. S. Sharko, E. B. Prokhortchouk // *Acta Naturae*. – 2022. – Vol. 14, № 1. – P. 109–122.

48. Adding cows to the reference population makes a small dairy population competitive / J. R. Thomasen, A. C. Sørensen, M. S. Lund (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2014. – Vol. 97, № 9. – P. 5822–5832.

49. Are evaluations on young genotyped animals benefiting from the past generations? / D. A. L. Lourenco, I. Misztal, S. Tsuruta (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2014. – Vol. 97, № 6. – P. 3930–3942.

50. Ashwell, M. S. The cooperative dairy DNA repository: a new resource for quantitative trait loci detection and verification / M. S. Ashwell, C. P. Van Tassell, T. S. Sonstegard // *Proceedings of the 8th Plant and Animal Genome Conference, San Diego, CA*. – 2000.

51. Associations of bovine beta-casein and kappa-casein genotypes with genomic merit in Holstein Friesian cattle / S. Ardicli, Ö. Aldevir, E. Aksu (et al.) // *Archives Animal Breeding*. – 2024. – Vol. 67, № 1. – P. 61–71.

52. Banga, C. B. Breeding objectives for Holstein cattle in South Africa / C. B. Banga, F. W. C. Naser, D. J. Garrick // *South African Journal of Animal Science*. – 2014. – Vol. 44, № 3. – P. 199–214.

53. Banga, C. B. The development of breeding objectives for Holstein and Jersey cattle in South Africa : дис. – University of the Free State, 2009.

54. Boichard, D. Sustainable dairy cattle selection in the genomic era / D. Boichard, V. Ducrocq, S. Fritz // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2015. – Vol. 132, № 2. – P. 135–143.

55. Bovenhuis, H. Mapping and analysis of dairy cattle quantitative trait loci by maximum likelihood methodology using milk protein genes as genetic markers / H. Bovenhuis, J. I. Weller // *Genetics*. – 1994. – Vol. 137, № 1. – P. 267–280.

56. Breeding and Genetics: Dairy Genetic Evaluation / J. H. Jakobsen, U. Emanuelson, S. Tsuruta (et al.) // *Poultry Science*. – 2004. – Vol. 83. – P. 411.

57. Canadian Dairy Information Centre (CDIC). Culling and replacement rates in dairy herds in Canada. – 2020.

58. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection / A. García-Ruiz, J. B. Cole, P. M. VanRaden (et al.) // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. – 2016. – Vol. 113, № 28. – P. E3995–E4004.

59. Chebel, R. C. Reproductive systems for North American dairy cattle herds / R. C. Chebel, E. S. Ribeiro // *Veterinary Clinics: Food Animal Practice*. – 2016. – Vol. 32, № 2. – P. 267–284.

60. Cole, J. B. Net merit as a measure of lifetime profit: 2010 revision / J. B. Cole, P. M. VanRaden // *AIPL Research Reports*. – 2010.

61. Cole, J. B. Use of haplotypes to estimate Mendelian sampling effects and selection limits / J. B. Cole, P. M. VanRaden // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2011. – Vol. 128, № 6. – P. 446–455.

62. Consequences of selection for yield traits on calving ease performance / E. L. de Maturana, E. Ugarte, J. Komen (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2007. – Vol. 90, № 5. – P. 2497–2505.

63. Counts of Genotyped Animals by Country Code // *Council of Dairy Cattle Breeding* : сайт. – 2022. – URL : <https://webconnect.uscdcb.com/#/summary-stats/genotype-count/country> (дата обращения – 20.11.2023).

64. de Vries, A. Cow longevity economics: The cost benefit of keeping the cow in the herd Proc. / A. de Vries // *Cow Longevity Conference, Tumba, Sweden*. – 2013. – P. 22–52.

65. de Vries, A. Productive life of dairy cows in Florida / A. de Vries // *Reproduction*. – 2003. – Vol. 18, № 22. – P. 19.

66. Development of a national genetic evaluation for cow fertility / P. M. VanRaden, A. H. Sanders, M. E. Tooker (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2004. – Vol. 87, № 7. – P. 2285–2292.

67. Development of genetic and genomic evaluation for wellness traits in US Holstein cows / N. Bacciu, C. A. Przybyla, N. Vukasinovic (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2017. – Vol. 100, № 1. – P. 428–438.

68. Dickinson, F. N. Comparative efficiency of feed utilization during first lactation of Ayrshire, Brown Swiss, and Holstein cows / F. N. Dickinson, B. T. McDaniel, R. E. McDowell // *Journal of Dairy Science*. – 1969. – Vol. 52, № 4. – P. 489–497.

69. Differences among methods to validate genomic evaluations for dairy cattle / K. M. Olson, P. M. VanRaden, M. E. Tooker (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2011. – Vol. 94, № 5. – P. 2613–2620.

70. Discovering ancestors and connecting relatives in large genomic databases / J. P. Nani, L. R. Bacheller, J. B. Cole (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2020. – Vol. 103, № 2. – P. 1729–1734.

71. Distribution and location of genetic effects for dairy traits / J. B. Cole, P. M. VanRaden, J. R. O'Connell (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2009. – Vol. 92, № 6. – P. 2931–2946.

72. Economic values for index improvement of dualpurpose Simmental cattle / A. Amaya, D. Garrick, R. Martínez (et al.) // *Livestock Science*. – 2020. – Vol. 240. – P. 104224.

73. Estimation of genetic progress and profitability of dairy herds using varying proportions of in vitro produced sexed embryos / K. Kaniyamattam, J. Block, P. J. Hansen (et al.) // *Journal of Animal Science*. – 2016. – Vol. 94. – P. 185.

74. Evaluation of  $\beta$ -casein variants in Egyptian goat, sheep and cattle by allele specific PCR and relevance to  $\beta$ -casomorphin / A. M. Darwish, G. H. E. Nady, N. I. Ali (et al.) // *Indian Journal of Animal Research*. – 2018. – Vol. 52, № 6. – P. 799–804.

75. Exploiting biological priors and sequence variants enhances QTL discovery and genomic prediction of complex traits / I. M. MacLeod, P. J. Bowman, C. J. Vander Jagt (et al.) // *BMC genomics*. – 2016. – Vol. 17. – P. 1–21.

76. Farm characteristics and management routines related to cow longevity: a survey among Swedish dairy farmers / K. Alvåsen, I. Dohoo, A. Roth (et al.) // *Acta veterinaria scandinavica*. – 2018. – Vol. 60. – P. 1–11.

77. Functionally reciprocal mutations of the prolactin signalling pathway define hairy and slick cattle / M. D. Littlejohn, K. M. Henty, K. Tiplady (et al.) // *Nature communications*. – 2014. – Vol. 5, № 1. – P. 5861.

78. Genetic benefits of genomic selection breeding programmes considering foreign sire contributions / D. Matthews, J. F. Kearney, A. R. Cromie (et al.) // *Genetics Selection Evolution*. – 2019. – Vol. 51. – P. 1–11.

79. Genetic evaluation of fertility traits of dairy cattle using a multiple-trait animal model / Z. Liu, J. Jaitner, E. Pasman (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2008. – Vol. 91, № 11. – P. 4333–4343.

80. Genetic evaluations of stillbirth for five United States dairy breeds: a dataresource feasibility study / A. Sigdel, X. L. Wu, K. L. Parker Gaddis (et al.) // *Frontiers in Genetics*. – 2022. – Vol. 13. – P. 819678.

81. Genetic parameters and association of national evaluations with breeding values for health traits in US organic Holstein cows / L. C. Hardie, I. W. Haagen, B. J. Heins (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2022. – Vol. 105, № 1. – P. 495–508.

82. GENETIC TREND // Council of Dairy Cattle Breeding. – 2024. – URL : <https://webconnect.uscdcb.com/#/summary-stats/genetic-trend> (дата обращения – 20.11.2023).

83. Genetic Variation of  $\beta$ -Casein Gene Using AS-PCR and ARMS-PCR Techniques in Bovine Populations / M. Firouzamandi, M. Gholami, M. Toloui (et al.) // *Russian Journal of Genetics*. – 2018. – Vol. 54, № 11. – P. 1352–1357.

84. Genome to phenome: improving animal health, production, and well-being – a new USDA blueprint for animal genome research 2018–2027 / C. Rexroad, J. Vallet, L. K. Matukumalli (et al.) // *Frontiers in genetics*. – 2019. – Vol. 10. – P. 327.

85. Genomic evaluation of bulls for daughters' milk traits in Russian Black-and-White and Holstein cattle population through the validation procedure / A. A. Sermiyagin, A. A. Belous, A. F. Conte (et al.) // *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya (Agricultural Biology)*. – 2017. – Vol. 52, № 6. – P. 1148–1156.

86. Genomic evaluation of cattle in a multi-breed context / M. S. Lund, G. Su, L. Janss (et al.) // *Livestock Science*. – 2014. – Vol. 166. – P. 101–110.

87. Genomic prediction of dry matter intake in dairy cattle from an international data set consisting of research herds in Europe, North America, and Australasia / Y. De Haas, J. E. Pryce, M. P. L. Calus (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2015. – Vol. 98, № 9. – P. 6522–6534.

88. Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for bio-logical discovery / J. M. Hickey, T. Chiurugwi, I. Mackay (et al.) // *Nature genetics*. – 2017. – Vol. 49, № 9. – P. 1297–1303.

89. Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives / J. Crossa, P. Pérez-Rodríguez, J. Cuevas (et al.) // *Trends in plant science*. – 2017. – Vol. 22, № 11. – P. 961–975.

90. Goddard, M. E. Selection indices for non-linear profit functions / M. E. Goddard // *Theoretical and Applied Genetics*. – 1983. – Vol. 64. – P. 339–344.

91. GWAS-based identification of new loci for milk yield, fat, and protein in Holstein cattle / L. Liu, J. Zhou, C.J. Chen (et al.) // *Animals*. – 2020. – Vol. 10, № 11. – P. 2048.

92. Ibanez-Escriche, N. From the editors: animal breeding in the genomics era / N. Ibanez-Escriche, H. Simianer // *Animal Frontiers*. – 2016. – Vol. 6, № 1. – P. 4–5.

93. Identification of a haplotype associated with cholesterol deficiency and increased juvenile mortality in Holstein cattle / S. Kipp, D. Segelke, S. Schierenbeck (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2016. – Vol. 99, № 11. – P. 8915–8931.

94. Identification of a nonsense mutation in APAF1 that is likely causal for a decrease in re-productive efficiency in Holstein dairy cattle / H. A. Adams, T. S. Sonstegard, P. M. VanRaden (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2016. – Vol. 99, № 8. – P. 6693–6701.

95. Implementation of a breeding value for heat tolerance in Australian dairy cattle / T. T. T. Nguyen, P. J. Bowman, M. Haile-Mariam (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2017. – Vol. 100, № 9. – P. 7362–7367.

96. Increased genetic gains in sheep, beef and dairy breeding programs from using female reproductive technologies combined with optimal contribution selection and genomic breeding values / T. Granleese, S. A. Clark, A. A. Swan (et al.) // *Genetics Selection Evolution*. – 2015. – Vol. 47. – P. 1–13.

97. Increasing the number of single nucleotide polymorphisms used in genomic evaluation of dairy cattle / G. R. Wiggans, T. A. Cooper, P. M. VanRaden (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2016. – Vol. 99, № 6. – P. 4504–4511.

98. Interactions of milk, fat, and protein yield genotypes with herd feeding characteristics / M. W. Dekleva, C. D. Dechow, J. M. Daubert (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2012. – Vol. 95, № 3. – P. 1559–1564.
99. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges / B. J. Hayes, P. J. Bowman, A. J. Chamberlain (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2009. – Vol. 92, № 2. – P. 433–443.
100. Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying / Y. de Haas, M. Pszczola, H. Soyeurt (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2017. – Vol. 100, № 2. – P. 855–870.
101. Invited review: Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls/ P. M. VanRaden, C. P. Van Tassell, G. R. Wiggans (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2009. – Vol. 92, № 1. – P. 16–24.
102. Jalade, P. M. An Example from the Dairy Industry: The Net Merit Index.
103. Jenko, J. Cow genotyping strategies for genomic selection in a small dairy cattle population / J. Jenko, G. R. Wiggans, T. A. Cooper // *Journal of Dairy Science*. – 2017. – Vol. 100, № 1. – P. 439–452.
104. Koenig, S. Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population / S. Koenig, H. Simianer // *Livestock Science*. – 2006. – Vol. 103, № 1-2. – P. 40–53.
105. König, S. Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs / S. König, H. H. Swalve // *Journal of Dairy Science*. – 2009. – Vol. 92, № 10. – P. 5292–5303.
106. Koyama, K. Relationship between sire predicted transmitting ability for daughter pregnancy rate and daughter's reproductive performance and milk production in Japanese dairy herds/ K. Koyama, T. Takahashi // *Journal of Reproduction and Development*. – 2020. – Vol. 66, № 5. – P. 445–452.
107. Krugliak, A. P. Correlation variability of selection traits of Holstein animals / A. P. Krugliak, T. O. Krugliak // *Розведення і генетика тварин*. – 2017. – № 54. – P. 58–65.

108. Lee, D. Study on genetic evaluation for linear type traits in Holstein cows / D. Lee, S. Oh, N. C. Whitley // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. – 2010. – Vol. 23, № 1. – P. 1–6.
109. Lethal chondrodysplasia in a family of Holstein cattle is associated with a de novo splice site variant of COL2A1 / J. S. Agerholm, F. Menzi, F. J. McEvoy (et al.) // *BMC veterinary research*. – 2016. – Vol. 12. – P. 1–9.
110. Lucy, M. C. Reproductive loss in high-producing dairy cattle: where will it end? / M. C. Lucy // *Journal of dairy science*. – 2001. – Vol. 84, № 6. – P. 1277–1293.
111. Mäntysaari, E. A. validation test for genomic evaluations / E. A. Mäntysaari, Z. Liu, P. VanRaden // *Interbull bulletin*. – 2010. – № 41. – P. 17.
112. Mating programs including genomic relationships and dominance effects / C. Sun, P. M. VanRaden, J. R. O'connell // *Journal of dairy science*. – 2013. – Vol. 96, № 12. – P. 8014–8023.
113. Meuwissen, T. H. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T. H. E. Meuwissen, B. J. Hayes, M. E. Goddard // *Genetics*. – 2001. – Vol. 157, № 4. – P. 1819–1829.
114. Miglior, F. Selection indices in Holstein cattle of various countries / F. Miglior, B. L. Muir, B. J. Van Doormaal // *Journal of dairy science*. – 2005. – Vol. 88, № 3. – P. 1255–1263.
115. Milk production and milk fatty acid composition of grazing dairy cows supplemented with fodder beet / A. E. Fleming, G. Edwards, R. H. Bryant (et al.) // *Lincoln university*. – 2018.
116. Missanjo, E. Estimation of genetic and phenotypic parameters for production traits and somatic cell count for Jersey dairy cattle in Zimbabwe / E. Missanjo, V. Imbayarwo-Chikosi, T. Halimani // *International Scholarly Research Notices*. – 2013. – Vol. 2013.
117. Misztal, I. Current status of genomic evaluation / I. Misztal, D. Lourenco, A. Legarra // *Journal of Animal Science*. – 2020. – Vol. 98, № 4. – P. 101.
118. Moncur, V. S. Genetic analysis of daily milk yield variability in Holstein dairy cattle in an experimental herd / V. S. Moncur, L. C. Hardie, C. D. Dechow // *Livestock Science*. – 2021. – Vol. 244. – P. 104397.

119. Mulder, H. A. Genomic selection improves response to selection in resilience by exploiting genotype by environment interactions / H. A. Mulder // *Frontiers in genetics*. – 2016. – Vol. 7. – P. 220447.

120. Nejati-Javaremi, A. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection / A. Nejati-Javaremi, C. Smith, J. P. Gibson // *Journal of animal science*. – 1997. – Vol. 75, № 7. – P. 1738–1745.

121. Nicolazzi, E. L. Genomics in the US dairy industry: current and future challenges / E. L. Nicolazzi, J. Durr, G. Wiggans // *Interbull bulletin*. – 2018. – № 53.

122. Norman, H. D. Potential consequences of selection to change gestation length on performance of Holstein cows / H. D. Norman, J. R. Wright, R. H. Miller // *Journal of dairy science*. – 2011. – Vol. 94, № 2. – P. 1005–1010.

123. Norman, H.D. Sire evaluation procedures for yield traits / H.D. Norman // *NCDHIP Handbook Fact. Sheet H-1*. – 1986. – Extension Service, USDA, Washington, DC.

124. Optimizing replacement of dairy cows: modeling the effects of diseases / Y. T. Gröhn, P. J. Rajala-Schultz, H. G. Allore (et al.) // *Preventive Veterinary Medicine*. – 2003. – Vol. 61, № 1. – P. 27–43.

125. Peñagaricano, F. Genetics and genomics of dairy cattle / F. Peñagaricano // *Animal Agriculture*. – Academic Press, 2020. – P. 101–119.

126. Reliability of genomic evaluation of Holstein cattle in Canada / F. S. Schenkel, M. Sargolzaei, G. Kistemaker (et al.) // *Interbull Bulletin*. – 2009. – № 39. – P. 51.

127. Reproductive status of Holstein and Jersey cows in the United States / H. D. Norman, J. R. Wright, S. M. Hubbard (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2009. – Vol. 92, № 7. – P. 3517–3528.

128. Schutz, M. M. Genetic evaluation of somatic cell scores for United States dairy cattle / M. M. Schutz // *Journal of dairy science*. – 1994. – Vol. 77, № 7. – P. 2113–2129.

129. Selection of dairy cattle for lifetime profit / P. M. VanRaden (et al.) // *Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* – 2002. – Vol. 29. – P. 127–130.

130. Selection of single-nucleotide polymorphisms and quality of genotypes used in genomic evaluation of dairy cattle in the United States and Canada / G. R. Wiggans, T. S. Sonstegard, P. M. VanRaden (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2009. – Vol. 92, № 7. – P. 3431–3436.

131. Sharing reference data and including cows in the reference population improve genomic predictions in Danish Jersey / G. Su, P. Ma, U. S. Nielsen (et al.) // *Animal*. – 2016. – Vol. 10, № 6. – P. 1067–1075.

132. Single-step genomic evaluation of Russian dairy cattle using internal and external information / A. A. Kudinov, E. A. Mäntysaari, T. J. Pitkänen (et al.) // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2022. – Vol. 139, № 3. – P. 259–270.

133. Single-step genomic evaluations from theory to practice: using SNP chips and sequence data in BLUPF90 / D. Lourenco, A. Legarra, S. Tsuruta (et al.) // *Genes*. – 2020. – Vol. 11, № 7. – P. 790.

134. Spelman, R. Big numbers, amazing science, better dairy animal performance / R. Spelman // *Green to Gold*. – 2012. – Vol. 8, № 2. – P. 16–17.

135. Status of genomic evaluation in the Brown Swiss populations / H. Jorjani, J. Jakobsen, E. Hjerpe (et al.) // *Interbull Bulletin*. – 2012. – № 46.

136. Stillbirth (co) variance components for a sire-maternal grandsire threshold model and development of a calving ability index for sire selection / J. B. Cole, G. R. Wiggans, P. M. VanRaden (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2007. – Vol. 90, № 5. – P. 2489–2496.

137. St-Onge, A. Economic values of traits for dairy cattle improvement estimated using field-recorded data / A. St-Onge, J. F. Hayes, R. I. Cue // *Canadian journal of animal science*. – 2002. – Vol. 82, № 1. – P. 29–39.

138. Sullivan, P. International genomic evaluation methods for dairy cattle / P. Sullivan // *Advances in breeding of dairy cattle*. – Burleigh Dodds Science Publishing, 2019. – P. 475–502.

139. Symposium review: Building a better cow—The Australian experience and future perspectives / J. E. Pryce, T. T. T. Nguyen, M. Axford (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2018. – Vol. 101, № 4. – P. 3702–3713.

140. Technological advances in genetic improvement of feed efficiency in dairy cattle: A review / M. A. Madilindi, O. T. Zishiri, B. Dube (et al.) // *Livestock Science*. – 2022. – Vol. 258. – P. 104871.
141. The Council of Dairy Cattle Breeding (uscddb.com).
142. The dairy bull DNA repository: a resource for mapping quantitative trait loci / Y. Da (et al.). – 1994.
143. The effect of genotyping cows to improve the reliability of genomic predictions for selection candidates / C. Edel, E. C. G. Pimentel, L. Plieschke (et al.) // *Journal of Dairy Science*. – 2016. – Vol. 99, № 3. – P. 1999–2004.
144. The effect of sire predicted transmitting ability for production traits on fertility, survivability, and health of Holstein dairy cows / R. C. Bicalho, C. Foditsch, R. Gilbert (et al.) // *Theriogenology*. – 2014. – Vol. 81, № 2. – P. 257–265.
145. The relationships among sire's predicted transmitting ability for daughter pregnancy rate and cow conception rate and daughter's reproductive performance in Canadian Holstein cows / M. Gobikrushanth, K. Macmillan, D. Hipkin (et al.) // *Theriogenology*. – 2020. – Vol. 149. – P. 117–122.
146. USDA-DHIA milk components sire summary / H. D. Norman, B. G. Cassell, F. N. Dickinson, A. L. Kuck // *USDA Prod. Res.* – 1979. – Rep. 178. Science and Education Administration, USDA, Washington, DC.
147. Use of biological priors enhances understanding of genetic architecture and genomic prediction of complex traits within and between dairy cattle breeds / L. Fang, G. Sahana, P. Ma (et al.) // *BMC genomics*. – 2017. – Vol. 18. – P. 1–12.
148. Using haplotypes to unravel the inheritance of Holstein coat color / T. J. Lawlor, P. M. VanRaden, D. Null (et al.) // *Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*. – 2014.
149. Validation of genomic predictions for a lifetime merit selection index for the US dairy industry / B. Fessenden, D. J. Weigel, J. Osterstock (et al.) // *Journal of dairy science*. – 2020. – Vol. 103, № 11. – P. 10414–10428.
150. Value of selecting for cow and calf livability / P. M. VanRaden, J. R. Wright, M. E. Tooker (et al.) // *Interbull Bulletin*. – 2016. – № 50.

151. VanRaden, P. M. An example from the dairy industry: the net merit index / P. M. VanRaden // Proceedings of the Beef Improvement Federation's 37th Annual Research Symposium and Annual Meeting. – 2005. – P. 96–100.
152. VanRaden, P. M. Genetic base change for February 2005 / P. M. VanRaden, M. E. Tooker // Animal Improvement Programs Laboratory. – 2005. – P. 10–16.
153. VanRaden, P. M. International genomic evaluation methods for dairy cattle / P. M. VanRaden, P. G. Sullivan // Genetics Selection Evolution. – 2010. – Vol. 42, № 1. – P. 1–9.
154. VanRaden, P. M. Invited review: Selection on net merit to improve lifetime profit / P. M. VanRaden // Journal of dairy science. – 2004. – Vol. 87, № 10. – P. 3125–3131.
155. VanRaden, P. M. Net merit as a measure of lifetime profit: 2014 revision / P. M. VanRaden, J. B. Cole, K. L. P. Gaddis // AIP Res. Rep. – 2018. – Vol. 7. – P. 5–18.
156. VanRaden, P. M. Net merit as a measure of lifetime profit / P. M. VanRaden, J. B. Cole // AIPL Research Reports. – 2000.
157. VanRaden, P. M. Net merit as a measure of lifetime profit – 2000 Version / P. M. VanRaden, A. J. Seykora // AIPL Res. Rep. NM \$1 (11-00). – Available online : <http://aipl.arsusda.gov/reference/nmcalc-2000.htm>. Accessed May. – 2000. – Vol. 5. – P. 2005.
158. VanRaden, P. M. Net merit as a measure of lifetime profit: 2021 revision / P. M. VanRaden, J. B. Cole, K. L. P. Gaddis // Animal Genomics and Improvement Laboratory, Agricultural Research Service, USDA Beltsville, MD. – 2021. – P. 20705–2350.
159. VanRaden, P. M. Productive life evaluations: Calculation, accuracy, and economic value / P. M. VanRaden, G. R. Wiggans // Journal of Dairy Science. – 1995. – Vol. 78, № 3. – P. 631–638.
160. VanRaden, P. M. Selection of dairy cattle for lifetime profit / P. M. VanRaden // Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. – 2002. – Vol. 29. – P. 127–130.

161. VanRaden, P. M. Symposium review: How to implement genomic selection / P. M. VanRaden // *Journal of Dairy Science*. – 2020. – Vol. 103, № 6. – P. 5291–5301.
162. VanRaden, P. M. Validating genomic reliabilities and gains from phenotypic updates / P. M. VanRaden, J. R. O'Connell // *Interbull Bulletin*. – 2018. – № 53.
163. Vierhout, C. N. Selection of Dairy Cow Families For Superior Fertility / C. N. Vierhout. – 2008.
164. Weigel, K. A. Prospects for improving reproductive performance through genetic selection / K. A. Weigel // *Animal reproduction science*. – 2006. – Vol. 96, № 3–4. – P. 323–330.
165. Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle / H. D. Daetwyler, A. Capitan, H. Pausch (et al.) // *Nature genetics*. – 2014. – Vol. 46, № 8. – P. 858–865.
166. Wiggans, G. R. Genomic selection in United States dairy cattle / G. R. Wiggans, J. A. Carrillo // *Frontiers in Genetics*. – 2022. – Vol. 13. – P. 994466.
167. Winkelman, A. M. Application of genomic evaluation to dairy cattle in New Zeland / A. M. Winkelman, J. D. Lohanson, B. L. Harris // *Journal of Dairy Science*. – 2015. – Vol. 98, № 1. – P. 659–675.
168. Wright, J. R. Genetic evaluation of dairy cow livability / J. R. Wright, P. M. VanRaden // *Journal of Animal Science*. – 2016. – Vol. 94. – P. 178.
169. Xu, S. Predicting hybrid performance in rice using genomic best linear unbiased prediction / S. Xu, D. Zhu, Q. Zhang // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. – 2014. – Vol. 111, № 34. – P. 12456–12461.
170. Zaabza, H. B. Genetic analysis of milk production traits of Tunisian Holsteins using random regression test–day model with Legendre polynomials / H. B. Zaabza, A. B. Gara, B. Rekik // *Asian-Australasian journal of animal sciences*. – 2018. – Vol. 31, № 5. – P. 636.

**ПРИЛОЖЕНИЯ**

## УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной работе  
ФГБОУ ВО «Кубанский государственный  
аграрный университет  
им. И. Т. Трубилина», канд.  
эконом. наук, доцент

  
\_\_\_\_\_ А. В. Петух  
« 20 » \_\_\_\_\_ 2024 г.

## КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет им. И. Т. Трубилина». Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки квалификационных научных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантов и соискателей на факультете зоотехнии.

Декан факультета зоотехнии,  
д-р с.-х. наук, профессор



В. Х. Вороков

## УТВЕРЖДАЮ

Проректор

по научно-исследовательской работе  
ФГБОУ ВО Волгоградский ГАУ,  
д-р биол. наук, профессор

А.А. Ряднов

« 19 » Август 2024 г.

## КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс ФГБОУ ВО Волгоградский ГАУ. Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки выпускных квалификационных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантами и соискателями на факультете биотехнологий и ветеринарной медицины.

Декан факультета биотехнологий и  
ветеринарной медицины,  
д-р биол. наук, доцент

Д.А. Ранделин



## УТВЕРЖДАЮ

Проректор по научной

и инновационной деятельности

ФГБОУ ВО «Башкирский

государственный аграрный университет»,

И. В. Чудов, *наук. доцент*



И. В. Чудов

2024 г.

## КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс ФГБОУ ВО «Башкирский государственный аграрный университет». Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки квалификационных научных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантов и соискателей на факультете биотехнологии и ветеринарной медицины.

Декан факультета биотехнологий и ветеринарной медицины,  
д-р ветеринар. наук, доцент

Г. В. Базекин

Подпись *Боренко Т.В.*  
ЗАВЕРЯЕТ  
Заведующий канцелярией  
*Т.В. Боренко*  
« *10* » *10* 20  
ИНН 0278011005



## УТВЕРЖДАЮ

Проректор по учебной и  
методической работе  
ФГБОУ ВО ГАУ Северного Зауралья,  
канд. техн. наук, доцент

В. В. Бердышев

«    »    2024 г.

## КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс ФГБОУ ВО «Государственный аграрный университет Северного Зауралья». Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки квалификационных научных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантов и соискателей в институте биотехнологии и ветеринарной медицины.

Директор института биотехнологии и  
ветеринарной медицины,  
д-р с.-х. наук, доцент



А. А. Бахарев

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ  
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ  
ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«ОРЕНБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ  
АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»  
(ФГБОУ ВО Оренбургский ГАУ)  
460014, г. Оренбург, ул. Челюскинцев, 18  
тел./ факс (3532) 77-52-50  
e-mail: [rector@orensau.ru](mailto:rector@orensau.ru); <http://www.orensau.ru>  
ОКПО 06495422, ОГРН 1025601020521  
ИНН/КПП 5610042441 / 561001001

УТВЕРЖДАЮ

Ректор

ФГБОУ ВО Оренбургский ГАУ



А. Г. Гоняров

2024 г.

« »

ИТ \_\_\_\_\_ № \_\_\_\_\_  
ИП \_\_\_\_\_ ОТ \_\_\_\_\_

## КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Оренбургский государственный аграрный университет». Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки квалификационных научных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантов и соискателей на факультете ветеринарной медицины.

Декан факультета ветеринарной медицины,  
д-р биол. наук, доцент

А.А. Торшков

**УТВЕРЖДАЮ**

Проректор по научной, инновационной и  
международной работе

ФГБОУ ВО СПбГАУ,

канд. ветеринар. наук, доцент



Р. О. Колесников

2024 г.

### **КАРТА ОБРАТНОЙ СВЯЗИ**

Результаты научных исследований аспиранта кафедры биотехнологии, биохимии и биофизики Гырнец Евгения Анатольевича по диссертационной работе на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с применением геномной селекции», выполненной по специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных приняты к внедрению в учебный процесс федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет». Они используются как справочный материал для лекций и лабораторно-практических занятий для студентов, подготовки квалификационных научных работ и будут учтены при выполнении научных исследований аспирантов и соискателей на факультете зооинженерии и биотехнологии.

Декан факультета зооинженерии и  
биотехнологии

С. П. Складров

Генеральный директор  
ООО «Молочная Компания  
«Генетика-Юг»



С. В. Колодзяжная

«20» августа 2024 г.

**АКТ**  
**внедрения научной разработки**  
**«СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ПРОДУКТИВНЫХ КАЧЕСТВ**  
**КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА С ПОМОЩЬЮ**  
**МЕТОДОВ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ»**

Настоящий акт подтверждает внедрение результатов научно-исследовательской работы аспиранта ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет им. И. Т. Трубилина» Гырнец Е. А. в программы ведения селекционно-племенной работы ООО «Молочная компания «Генетика-Юг».

Исследования проводились в период с 7 июля 2021 года по 20 декабря 2023 года на поголовье хозяйства АО «Виктория Агро» (Краснодарский край, Каневской район).

Сведения об эффективности внедрения: использование новой системы подбора родительских пар и выделения селекционных групп по результатам геномной оценки молодняка удалось в рамках одного поколения увеличить племенную ценность потомства по индексу пожизненной прибыли в два раза, генетический потенциал удоя и продуктивного долголетия – в 2,5 раза, генетический потенциал содержания жира в молоке – в 3,5 раза.

Зоотехник-селекционер

/ Иванова Ю. С.

Подпись



### АКТ внедрения научной разработки

Настоящий акт подтверждает внедрение результатов научно-исследовательской работы на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с помощью методов геномной селекции», выполненную аспирантом очной формы обучения ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет им. И. Т. Трубилина» Гырнец Е. А. в программы ведения селекционно-племенной работы учебно-опытного хозяйства «Кубань» Кубанского ГАУ.

Работы проводились в период с июля 2021 г. по декабря 2023 на поголовье хозяйства учебно-опытного хозяйства «Кубань» (Краснодарский край, ст. Елизаветинская). В стратегию селекционной работы внедрены новые системы подбора родительских пар и выделения селекционных групп с использованием результатов геномной оценки молодняка.

Главный зоотехник

/ Доломатов И. В.

Подпись

**УТВЕРЖДАЮ:**

Генеральный директор  
АО «Дружба»



С. Н. Миренков

«30» августа 2024 г.

**АКТ  
внедрения научной разработки**

Настоящий акт подтверждает внедрение результатов научно-исследовательской работы на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с помощью методов геномной селекции», выполненную аспирантом очной формы обучения ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет им. И. Т. Трубилина» Гырнец Е. А. в программы ведения селекционно-племенной работы АО «Дружба».

Работы проводились в период с июля 2022 г. по декабря 2023 на поголовье хозяйства АО «Дружба» (Краснодарский край, Каневской район). В стратегию селекционной работы внедрены новые системы оценки племенной ценности животных, подтверждения происхождения и выделения селекционных групп с использованием результатов геномной оценки молодняка.

Заместитель генерального  
директора по кормлению и  
селекции животных

  
Подпись

/ Сулим О. В.

**УТВЕРЖДАЮ:**

Руководитель направления  
(животноводство)  
ООО «Урожай XXI век»



И. Г. Макаренко

«21» августа 2024 г.

### **АКТ внедрения научной разработки**

Настоящий акт подтверждает внедрение результатов научно-исследовательской работы на тему: «Совершенствование продуктивных качеств крупного рогатого скота с помощью методов геномной селекции», выполненную аспирантом очной формы обучения ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет им. И. Т. Трубилина» Гырнец Е. А. в программы ведения селекционно-племенной работы ООО «Урожай XXI век».

Работы проводились в период с 7 июля 2021 г. по 20 декабря 2023 на поголовье хозяйства ООО «Урожай XXI век» (Краснодарский край, Брюховецкий район). В стратегию селекционной работы внедрены новые системы подбора родительских пар и выделения селекционных групп с использованием результатов геномной оценки молодняка.

Зоотехник-селекционер

Никиша Н. Н.

Подпись



# XVII

## МЕЖДУНАРОДНЫЙ САЛОН ИЗОБРЕТЕНИЙ И НОВЫХ ТЕХНОЛОГИЙ «НОВОЕ ВРЕМЯ»

*Устойчивое развитие  
во время перемен!*



# ДИПЛОМ

награждается

## ЗОЛОТОЙ МЕДАЛЬЮ

**Кощаев Андрей Георгиевич, Гырнец Евгений Анатольевич,  
Будько Анна Эдуардовна, Гырнец Елена Юрьевна  
ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный  
университет имени И. Т. Трубилина» (г. Краснодар)**

**СПОСОБ ИДЕНТИФИКАЦИЙ  
ЖИВОТНЫХ-НОСИТЕЛЕЙ МОНОГЕННЫХ  
ЗАБОЛЕВАНИЙ И ПРОВИРУСА ЛЕЙКОЗА  
ДЛЯ СОВЕРШЕНСТВОВАНИЯ ПЛЕМЕННЫХ КАЧЕСТВ  
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА**

Член исполкома  
МФАИ (IFIA)

Со-Председатель  
Международного жюри  
Председатель  
Центрального совета ВОИР

Генеральный  
менеджер Салона

Д.И. Зезюлин

А.А. Ищенко

В.А. Куликов

г. Севастополь  
Российская Федерация  
23-25 сентября 2022 года



# XVII

## МЕЖДУНАРОДНЫЙ САЛОН ИЗОБРЕТЕНИЙ И НОВЫХ ТЕХНОЛОГИЙ «НОВОЕ ВРЕМЯ»

*Устойчивое развитие  
во время перемен!*



# ДИПЛОМ

награждается

# ЗОЛОТОЙ МЕДАЛЬЮ

**Е. А. Гырнец, А. Г. Кощаев, А. В. Милованов, И. М. Донник,  
Д. С. Савенкова, В. В. Князева, Х. А. Амерханов**  
ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный  
университет имени И. Т. Трубилина»  
(г. Краснодар)

**СИСТЕМА ПЦР-ДИАГНОСТИКИ ПО ОПРЕДЕЛЕНИЮ СТАТУСА  
НОСИТЕЛЬСТВА МОНОГЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ КРУПНОГО  
РОГАТОГО СКОТА**

Член исполкома  
МФАИ (IFIA)

**Д. И. Зезюлин**

Со-Председатель  
Международного жюри  
Председатель  
Центрального совета ВОИР

**А. А. Ищенко**

Генеральный  
менеджер Салона

**В. А. Куликов**

г. Севастополь  
Российская Федерация  
23-25 сентября 2021 года



Министерство  
сельского хозяйства  
Российской Федерации

# ЗОЛОТАЯ ОСЕНЬ 2023

XXV РОССИЙСКАЯ АГРОПРОМЫШЛЕННАЯ ВЫСТАВКА

## ДИПЛОМ

НАГРАЖДАЕТСЯ  
ЗОЛОТОЙ МЕДАЛЬЮ

ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ,  
г. Краснодар

*За разработку инновационной технологии повышения молочной продуктивности коров*

МИНИСТР СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Д.С. ПАРТУШОВ



Министерство  
сельского хозяйства  
Российской Федерации

# ЗОЛОТАЯ ОСЕНЬ 2022

XXIV ВСЕРОССИЙСКАЯ АГРОПРОМЫШЛЕННАЯ ВЫСТАВКА

## ДИПЛОМ

НАГРАЖДАЕТСЯ

## ЗОЛОТОЙ МЕДАЛЬЮ

**ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ,  
г. Краснодар**

*За разработку инновационной генетической тестовой системы  
для определения аллельных форм гена  $\beta$ -казеина KPC*

МИНИСТР СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Д.Н. ПАТРУШЕВ



МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

# СВИДЕТЕЛЬСТВО

К ЗОЛОТОЙ МЕДАЛИ

В номинации: «За достижения в области инноваций АПК»

**ФГБОУ ВО «Кубанский государственный  
аграрный университет  
имени И. Т. Трубилина»**

**«АНАЛИЗ АЛЛЕЛЬНОГО ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА БЕЛКА БЕТА-КАЗЕИНА  
ПОГЛОВЬЯ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА И РАЗРАБОТКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ  
ТЕСТОВОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ОПТИМИЗАЦИИ СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА»**

МИНИСТР СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ЛУТ О. Н.

САНКТ-ПЕТЕРБУРГ  
2024





АГЕНТСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

## **СВИДЕТЕЛЬСТВО**

**К СЕРЕБРЯНОЙ МЕДАЛИ**



**В номинации: «За достижения в области инноваций АПК»**

**ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный  
университет имени И.Т. Трубилина»**

*Метод AS-PCR для идентификации аллелей гена CSN2 с целью изучения  
влияния аллелей A1 и A2 на молочную продуктивность коров и  
качественный состав молока*

МИНИСТР СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА  
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

А. Н. ПАТРУШЕВ

САНКТ-ПЕТЕРБУРГ  
2023



# РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

**№ 2022623609**

**Пастбищный индекс прибыли телок черно-пестрой  
голштинизированной породы крупного рогатого скота**

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение высшего образования «Кубанский  
государственный аграрный университет им. И.Т. Трубилина»  
(RU)*

Авторы: *Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Гырнец Евгений  
Анатольевич (RU), Милованов Александр Валериевич (RU),  
Савенкова Дарья Сергеевна (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU),  
Амерханов Харон Адиевич (RU), Солошенко Владимир Андреевич  
(RU)*

Заявка № **2022623707**

Дата поступления **15 декабря 2022 г.**

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных **22 декабря 2022 г.**



*Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности*

*Ю.С. Зубов*

# РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

**№ 2022623611**

**Индекс прибыли по сыру телок черно-пестрой  
голштинизированной породы крупного рогатого скота**

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное  
образовательное учреждение высшего образования «Кубанский  
государственный аграрный университет им. И.Т. Трубилина»  
(RU)*

Авторы: *Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Гырнец Евгений  
Анатольевич (RU), Милованов Александр Валериевич (RU),  
Савенкова Дарья Сергеевна (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU),  
Святенко Татьяна Сергеевна (RU), Тяпугин Евгений  
Александрович (RU)*

Заявка № **2022623709**

Дата поступления **15 декабря 2022 г.**

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных **22 декабря 2022 г.**



*Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности*

*Ю.С. Зубов*

РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

№ 2023620176

**Индекс пожизненной прибыли телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота**

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный аграрный университет им. И.Т. Трубилина» (RU)*

Авторы: *Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Гырнец Евгений Анатольевич (RU), Милованов Александр Валериевич (RU), Савенкова Дарья Сергеевна (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU), Рыль Анна Эдуардовна (RU), Дунин Иван Михайлович (RU)*

Заявка № 2022623897

Дата поступления 21 декабря 2022 г.

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных 12 января 2023 г.



Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности

Ю.С. Зубов

# РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

№ 2023621266

**Индекс прибыли по молоку телок черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота**

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный аграрный университет имени И.Т. Трубилина» (RU)*

Авторы: *Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Гырнец Евгений Анатольевич (RU), Милованов Александр Валериевич (RU), Савенкова Дарья Сергеевна (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU), Балакирев Николай Александрович (RU), Клименко Александр Иванович (RU)*

Заявка № 2023620966

Дата поступления 10 апреля 2023 г.

Дата государственной регистрации  
в Реестре баз данных 19 апреля 2023 г.



Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности

Ю.С. Зубов

# РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

№ 2023622622

### ОБЩИЙ ПРОИЗВОДСТВЕННЫЙ ИНДЕКС КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный аграрный университет им. И.Т. Трубилина» (ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ) (RU)*

Авторы: *Гырнец Евгений Анатольевич (RU), Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Дунин Иван Михайлович (RU), Будько Анна Эдуардовна (RU), Святенко Татьяна Сергеевна (RU), Исаева Альбина Геннадиевна (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU), Лихоман Александр Владимирович (RU)*

Заявка № 2023622271

Дата поступления 17 июля 2023 г.

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных 31 июля 2023 г.



Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности

Ю.С. Zubov

# РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

№ 2023622625

### ИНДЕКС ЗДОРОВЬЯ МАТОЧНОГО ПОГОЛОВЬЯ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный аграрный университет им. И.Т. Трубилина» (ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ) (RU)*

Авторы: *Коцаев Андрей Георгиевич (RU), Гырнец Евгений Анатольевич (RU), Амерханов Харон Адиевич (RU), Будько Анна Эдуардовна (RU), Святенко Татьяна Сергеевна (RU), Балакирев Николай Александрович (RU), Гырнец Елена Юрьевна (RU), Редько Валерия Владимировна (RU)*

Заявка № 2023622275

Дата поступления 17 июля 2023 г.

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных 31 июля 2023 г.



Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности

Ю.С. Зубов

ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет имени И. Т. Трубилина»

ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии»

*Составители:* Е. А. Гырнец, А. Г. Коцаев, А. Э. Будько, Т. С. Святенко, Д. А. Лемещук, О. Г. Смирнова, В. В. Редько, Ф. А. Мэдлеж

**Применение геномной оценки в селекционно-племенной работе животноводческих предприятий : метод. рекомендации / сост. Е. А. Гырнец [и др.] – Краснодар : КубГАУ, 2024. – 31 с.**

В методических рекомендациях представлены способы применения геномной оценки в селекции крупного рогатого скота, результаты исследования корреляции геномных данных и фактических показателей, разработка селекционной стратегии, направленной на улучшение генетического потенциала стада молочно-товарных хозяйств.

Предназначены для зоотехников-селекционеров, популяционных генетиков, научных сотрудников, занимающихся исследованиями генетических профилей сельскохозяйственных животных, аспирантов по научной специальности 4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных.

Рекомендации подготовлены в рамках выполнения тематического плана НИОКР, утвержденного Ученым советом ФГБОУ ВО Кубанский ГАУ на 2021–2025 гг. (протокол № 10 от 20.12.2020, номер государственной темы 121032300057-2).

## **ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНОМНОЙ ОЦЕНКИ В СЕЛЕКЦИОННО-ПЛЕМЕННОЙ РАБОТЕ ЖИВОТНОВОДЧЕСКИХ ПРЕДПРИЯТИЙ**

Методические рекомендации

Рассмотрено и одобрено на заседании Ученого совета ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии», протокол № 8 от 17 октября 2023 г.

Краснодар  
КубГАУ  
2024

© ФГБОУ ВО «Кубанский государственный аграрный университет имени И. Т. Трубилина», 2024