

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«СТАВРОПОЛЬСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

На правах рукописи

Лесняк Артем Васильевич

**ЭФФЕКТИВНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ДНК-МАРКЕРОВ ПРИ
СОВЕРШЕНСТВОВАНИИ ХОЗЯЙСТВЕННО ПОЛЕЗНЫХ ПРИЗНАКОВ
КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ДЖЕРСЕЙСКОЙ ПОРОДЫ**

Специальность

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

Диссертация на соискание учёной степени

кандидата биологических наук

Научный руководитель:

доктор сельскохозяйственных наук

Олейник Сергей Александрович

Ставрополь 2026

СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	4
ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ.....	14
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	14
1.1. Состояние и перспективы использования молочных пород крупного рогатого скота в России.....	14
1.2. История формирования и современное состояние джерсейской породы крупного рогатого скота.....	20
1.3. Традиционные и современные подходы к оценке признаков продуктивности крупного рогатого скота молочного направления	23
1.4. Молекулярно-генетические методы в животноводстве.....	29
1.5. Генетические маркеры продуктивности и их роль в селекции крупного рогатого скота	32
2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ.....	37
2.1. Характеристика объекта, места и условий проведения исследований	37
2.2. Методики проведения исследований.....	41
2.2.1. Формирование выборки и комплексная оценка хозяйственно-полезных признаков.....	41
2.2.2. Биохимический анализ сыворотки крови.....	43
2.2.3. Молекулярно-генетические исследования.....	44
2.2.4. Методы статистической обработки и биоинформационного анализа данных.....	46
3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ	48
3.1. Оценка генетического разнообразия и структуры популяции по генам <i>bGH</i> и <i>CASB</i>	48
3.2. Ассоциация полиморфизма в генах <i>bGH</i> и <i>CASB</i> с показателями роста и развития молодняка	52
3.2.1. Динамика живой массы и приростов ремонтных телок в зависимости от генотипа	52
3.2.2. Ассоциация генотипов генов <i>bGH</i> и <i>CASB</i> с экстерьерными показателями и типами телосложения коров-первотелок	62
3.3. Ассоциация полиморфизма в генах <i>bGH</i> и <i>CASB</i> с репродуктивной функцией телок.....	70
3.4. Ассоциация полиморфизма генов <i>bGH</i> , <i>CASB</i> и их комбинаций на количественные и качественные показатели молочной продуктивности	74

3.5. Характеристика генетического разнообразия популяции по STR-маркерам и их ассоциация с хозяйственно-полезными признаками	83
3.5.1. Ассоциация аллельных вариантов STR-локусов с ростовыми характеристиками молодняка джерсейской породы	88
3.5.2. Ассоциация аллельных вариантов STR-локусов с показателями молочной продуктивности коров-первотелок	93
3.6. Биохимические показатели сыворотки крови коров джерсейской породы..	95
3.7. Экономическая эффективность применения ДНК-маркеров в селекционной работе с джерсейской породой	98
4. ЗАКЛЮЧЕНИЕ	103
СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ	106
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ.....	107

ВВЕДЕНИЕ

Актуальность темы исследования. Молочное скотоводство является стратегически важной отраслью агропромышленного комплекса Российской Федерации, играющей ключевую роль в обеспечении продовольственной безопасности страны качественными и доступными продуктами питания (И.М. Дунин, А.Г. Данкверт, А.В. Кочетков, 2013; М.В. Шуварин и др., 2021). В условиях современных экономических вызовов и необходимости импортозамещения, повышение эффективности молочного производства, рост продуктивности животных и улучшение качественных характеристик молока становятся первостепенными задачами (Д.Н. Русова, 2022). Одним из наиболее перспективных направлений для достижения этих целей является совершенствование генетического потенциала разводимых пород крупного рогатого скота.

Джерсейская порода крупного рогатого скота, известная во всем мире благодаря уникальному качеству молока с высоким содержанием жира и белка, приобретает все большую популярность в России (I. Goncharenko, D. Vynnychuk, 2014). Адаптационные способности и эффективность конверсии корма делают данную породу привлекательной для различных систем содержания. Однако для полной реализации генетического потенциала джерсейской породы в конкретных природно-климатических и хозяйственных условиях Российской Федерации, включая Ставропольский край, необходимы углубленные исследования.

Традиционные методы селекции, основанные на фенотипической оценке, обладают определенными ограничениями, связанными с длительностью процесса и влиянием средовых факторов. Внедрение современных молекулярно-генетических методов, в частности, маркер-ассоциированной селекции (MAS), открывает новые возможности для идентификации животных с желательными генотипами на ранних этапах онтогенеза, что позволяет значительно ускорить темпы генетического прогресса и повысить точность отбора (М.И. Селионова, А.-М.М. Айбазов, 2014).

Среди множества генов, влияющих на хозяйственно-полезные признаки, особое внимание уделяется генам, таким как ген гормона роста (*bGH*) и ген бета-казеина (*CSN2*). Гормон роста играет центральную роль в регуляции роста, развития и лактации, и его полиморфизмы могут быть связаны с удоем, составом молока и ростовыми характеристиками крупного рогатого скота молочного направления (И.В. Лазебная, О.Е. Лазебный, М.Н. Рузина, 2011; А.В. Перчун и др., 2012; И.В. Лазебная и др., 2012). Ген бета-казеина, в свою очередь, определяет синтез одного из основных белков молока, а его аллельные варианты (особенно A1 и A2) влияют не только на технологические свойства молока, но и, как предполагается, на его усвояемость и потребительские качества, что актуально в свете растущего спроса на A2-молоко (Е.А. Кулешова, Е.А. Москаленко, Н.В. Быченко, 2023; М.Н. Панков и др., 2024).

Наряду с изучением генов-кандидатов, оценка общего генетического разнообразия и структуры популяции имеет фундаментальное значение для разработки долгосрочных селекционных программ и сохранения генофонда породы (ФАО, 2010). Использование высокополиморфных микросателлитных (STR) маркеров позволяет охарактеризовать уровень генетической изменчивости. (А.А. Egito, 2007). Для джерсейской породы, имеющей специфическую историю формирования, такая оценка особенно важна для понимания генетической уникальности исследуемой популяции и потенциального выявления связей STR-локусов с хозяйственно-полезными признаками, дополняя информацию, полученную от анализа генов-кандидатов (О. Ороола и др., 2023; К. Srikanth и др., 2023).

Недостаточно изучена роль генов *bGH* и *CSN2* в формировании продуктивности джерсейского скота, разводимого на территории России, хотя для других пород эти гены изучены достаточно подробно. Комплексная оценка взаимосвязи указанных маркеров с хозяйственно полезными признаками (удой, рост, экстерьер, фертильность) и анализ генетического разнообразия популяции позволят выделить наиболее ценных животных. Полученные результаты могут послужить базой для научно обоснованной корректировки программ разведения.

Таким образом, изучение ассоциаций полиморфизма генов гормона роста и бета-казеина с комплексом хозяйственно полезных признаков у коров джерсейской породы, дополненное анализом генетического разнообразия по STR-маркерам, является актуальным научным направлением, имеющим важное теоретическое и практическое значение для повышения эффективности отечественного молочного скотоводства.

Степень разработанности темы исследования. Проблемы повышения эффективности молочного скотоводства и совершенствования генетического потенциала крупного рогатого скота находятся в центре внимания как отечественных, так и зарубежных исследователей на протяжении многих десятилетий. Значительный объем научных работ посвящен изучению молочных пород, методам оценки их продуктивных и экстерьерных качеств, а также разработке и внедрению современных технологий в селекционно-племенную работу (Х.А. Амерханов, Н.И. Стрекозов, 2012; А.В. Мартынов, Т.В. Павлова, Н.В. Казаровец, 2012; В.И. Трухачев и др., 2022).

История формирования, хозяйственно-биологические особенности и мировое значение джерсейской породы крупного рогатого скота достаточно подробно освещены в научной литературе (R.J. Collier и др., 1981; А.Г. Данкверт, 2004; L. Chikhi и др., 2004; I. Goncharenko, D. Vynnychuk, 2014; Е.Р. Блюм, О.М. Мухтарова, 2022). Исследованы продуктивные качества, особенно высокое содержание жира и белка в молоке, а также адаптационные способности в различных климатических зонах (В.А. Перепелкина, 2015; R.C. Handcock и др., 2019; Е.Н. Юрченко, И.П. Иванова, Н.А. Юрк, 2021; З.С. Санова, 2022).

С развитием молекулярной генетики активно изучается роль отдельных генов-кандидатов в детерминации хозяйственно-полезных признаков у крупного рогатого скота. Полиморфизмы гена гормона роста (*bGH*) неоднократно исследовались в контексте их влияния на молочную продуктивность коров, состав молока и показатели роста у различных пород (С.Р. Хатами и др., 2005; И.В. Лазебная и др., 2011; В.М. Габидулин и др., 2019), однако результаты таких исследований не всегда однозначны и могут иметь породную специфику. Аналогично, ген бета-

казеина, особенно его аллельные варианты A1 и A2, стал объектом пристального внимания в связи с влиянием на качественный состав молока, его технологические свойства и потенциальную пользу для здоровья человека, а также ассоциации с удоем и содержанием компонентов молока (Л.А. Калашникова и др., 2021; А.Г. Кощаев, Е.А. Гырнец, 2021; Л.А. Калашникова и др., 2022; Е.В. Парыгина, 2022; L. Ben Farhat и др., 2023; Кулешова и др., 2023; М.А. Парамонова, 2023; А. Wang и др., 2024; М.Н. Панков и др., 2024).

Использование микросателлитных (STR) маркеров для оценки генетического разнообразия, контроля происхождения и структуры популяций крупного рогатого скота является стандартной практикой в современной зоотехнии (А.А. Egito, 2007; О.А. Епишко, Л.А. Танана, В.В. Пешков, 2014). Проведены исследования генетической структуры джерсейской породы в различных странах с использованием STR-локусов (О. Opoola и др., 2023; К. Srikanth и др., 2023). Также существуют работы, указывающие на возможную связь отдельных STR-аллелей с хозяйственно-полезными признаками у сельскохозяйственных животных (С.Ј. Fitzsimmons и др., 1998; J.J. Kim и др., 2003; А. Kramarenko, S. Kramarenko, 2020).

Несмотря на обширную научную базу по генетике и селекции молочного скота, ощущается дефицит системных исследований джерсейской породы в условиях Российской Федерации, и в частности, юга России.

На сегодняшний день недостаточно изучен вопрос комплексного влияния полиморфизмов генов *bGH* и *CSN2* на совокупность хозяйственно полезных признаков, включая молочную продуктивность, динамику развития молодняка, экстерьерные особенности и воспроизводительные качества животных. Большинство исследований фокусируется на отдельных генах или ограниченном наборе признаков, либо проводятся на других породах или в иных условиях разведения.

Таким образом, существует необходимость в проведении комплексного исследования, которое бы объединило анализ полиморфизма ключевых генов, оценку генетической структуры популяции по STR-маркерам и изучение их влияния на весь комплекс хозяйственно полезных признаков у коров джерсейской породы,

что и определяет актуальность и научную новизну настоящей диссертационной работы.

Цель и задачи исследований.

Цель исследования: научно обосновать эффективность использования комплекса ДНК-маркеров при оценке и совершенствовании хозяйственно полезных признаков крупного рогатого скота джерсейской породы.

Задачи исследования:

1. Определить аллельный состав и частоты генотипов по генам гормона роста (*bGH*) и бета-казеина (*CASB*) у коров джерсейской породы;
2. Проанализировать наличие ассоциации полиморфизмов p.Leu127Val (rs41923484) в гене гормона роста (*bGH*) и полиморфизма p.Pro67His (rs43703011) в гене *CASB* с динамикой живой массы и экстерьерными показателями молодняка джерсейской породы;
3. Определить ассоциации полиморфизма генов *bGH* и *CASB* с показателями репродуктивной функции коров джерсейской породы;
4. Установить взаимосвязь полиморфизма генов *bGH* и *CASB* с удоем, качественным составом молока и выходом молочных компонентов у коров джерсейской породы;
5. Определить параметры генетического разнообразия исследуемой популяции джерсейской породы по панели STR-маркеров и идентифицировать локусы, ассоциированные с ключевыми хозяйственно-полезными признаками;
6. Изучить биохимические параметры крови коров с учетом исследуемых полиморфизмов в генах *bGH* и *CASB*;
7. Оценить экономическую эффективность использования результатов исследования в селекционной работе.

Объект и предмет исследования.

Объект исследования: популяция крупного рогатого скота джерсейской породы, разводимая в условиях Ставропольского края, на базе племенного репродуктора ООО «Агроальянс Инвест».

Предмет исследования: генетическая структура популяции по генам гормона роста (*bGH*), бета-казеина (*CASB*) и микросателлитным (STR) локусам, а также ассоциация выявленных полиморфизмов с показателями молочной продуктивности, экстерьером, динамикой роста, репродуктивными качествами животных.

Научная новизна работы. Впервые проведена комплексная молекулярно-генетическая оценка популяции джерсейского скота в природно-климатических условиях юга России. Осуществлен системный анализ полиморфизма генов *bGH* и *CASB*, в ходе которого выявлены достоверные ассоциации их аллельных вариантов с широким спектром хозяйственно полезных признаков: показателями молочной продуктивности и качеством молока, интенсивностью роста молодняка, особенностями экстерьера и воспроизводительными способностями. Расширены представления о генетической детерминации фенотипических признаков, доказана степень влияния специфических аллельных комбинаций на реализацию продуктивного потенциала и идентифицированы целевые ДНК-маркеры, предпочтительные для селекции. Проведен микросателлитный анализ (по STR-локусам), позволивший охарактеризовать аллелофонд и генетическую структуру стада, а также выявить маркеры, сопряженные с продуктивностью. Доказана экономическая эффективность и целесообразность интеграции ДНК-тестирования по генам *bGH* и *CASB* в селекционные программы для совершенствования племенных качеств коров джерсейской породы.

Теоретическая и практическая значимость работы. Работа имеет важную теоретическую значимость, поскольку расширяет фундаментальные представления о необходимости генетического контроля хозяйственно полезных признаков у крупного рогатого скота джерсейской породы, уточняя роль генов гормона роста и бета-казеина в детерминации молочной продуктивности, роста, экстерьера и репродукции. Исследование дополняет знания о генетической структуре популяции джерсейского скота, разводимого в условиях юга России, выявляя множественное (плейотропное) действие исследуемых генов через их ассоциации с различными хозяйственно полезными признаками.

Практическая значимость исследования заключается в выявлении ДНК-маркеров, ассоциированных с высокой молочной продуктивностью и другими желательными признаками коров джерсейской породы. Наличие информации об ассоциации генотипа (A1/A2) гена бета-казеина с селекционно-значимыми признаками крупного рогатого скота, предоставит возможность выявлять носителей генетических маркеров с качественными характеристиками молочной продуктивности, что позволит проводить отбор животных с высоким генетическим потенциалом продуктивности для формирования стад, широкое использование которых значительно ускорит селекционный процесс. В свою очередь, использование полиморфизма гена гормона роста (*bGH*) имеет высокую практическую ценность для оптимизации количественных показателей продуктивности и выращивания молодняка. Идентификация животных с желательным генотипом обеспечит комплектование стад с максимальным уровнем удоя и выходом молочных компонентов. Экономическая оценка подтверждает целесообразность применения разработанных подходов на основе ДНК-технологий для повышения рентабельности разведения джерсейского скота.

Методология и методы исследования. Теоретико-методологическую основу диссертации составили фундаментальные и прикладные труды ведущих российских и иностранных ученых в области разведения животных, зоотехнии и молекулярной генетики. В ходе выполнения работы применялся комплексный подход, сочетающий общенаучные приемы познания (постановка научно-хозяйственного опыта, сравнительный анализ, систематизация и обобщение полученных результатов) со специальными методиками. К числу последних относятся методы зоотехнического учета продуктивности, биохимический скрининг показателей крови и современные молекулярно-генетические технологии (ПЦР-диагностика, анализ STR-локусов). Достоверность полученных результатов подтверждена методами вариационной статистики с использованием компьютерных программ.

Основные положения, выносимые на защиту:

- гены *bGH* и *CASB*, контролирующие хозяйственно-полезные признаки продуктивности у крупного рогатого скота джерсейской породы, полиморфны;
- полиморфизм p.Leu127Val (rs41923484) в гене гормона роста (*bGH*) ассоциативен с динамикой живой массы и экстерьерными показателями коров джерсейской породы.
- связь полиморфизма в гене *bGH* с показателями репродуктивной функции коров джерсейской породы установлена.
- полиморфизм p.Leu127Val (rs41923484) в гене гормона роста (*bGH*) и p.Pro67His (rs43703011) в гене бета-казеина *CASB* ассоциативны с количественными и качественными параметрами молочной продуктивности коров джерсейской породы;
- исследуемая популяция джерсейской породы обладает высоким уровнем генетического разнообразия. STR-локусы, ассоциированные с ключевыми хозяйственно-полезными признаками, идентифицированы;
- применение генотипирования коров джерсейской породы по генам *bGH* и *CASB* экономически эффективно.

Степень достоверности и апробация результатов. Обоснованность научных положений и выводов диссертации базируется на применении комплекса современных молекулярно-генетических подходов и методов биометрического анализа. Экспериментальная часть работы выполнена на базе племенного репродуктора ООО «Агроальянс Инвест». Исследовательская часть работы выполнена на базе аккредитованных лабораторий ФГБОУ ВО «Ставропольский государственный аграрный университет» (Лаборатория селекционного контроля качества молока и Лаборатория молекулярно-генетической экспертизы) оснащенных высокоточным аналитическим оборудованием. Разработанные предложения внедрены в технологический процесс племенного репродуктора ООО «Агроальянс Инвест» (Александровский район, Ставропольский край), что зафиксировано соответствующим актом внедрения, а также используются в научно-исследовательской работе и в учебном процессе ФГБОУ ВО «Ставропольский государственный аграрный

университет» в качестве дополнительного материала для самостоятельной работы студентов.

Работа выполнялась в рамках НИОКТР «Разработка генетико-технологической модели стада крупного рогатого скота разных пород для оптимизации производства молока на Юге России и продления периода хозяйственного использования коров при высоком и среднем уровнях продуктивности животных (II этап)» государственного задания МСХ РФ №082-03-2023-217/1 от 06.03.2023 г.; в рамках НИОТКР «Разработка генетико-технологической модели стада крупного рогатого скота разных пород для оптимизации производства молока на Юге России и продления периода хозяйственного использования коров при высоком и среднем уровнях продуктивности животных. III этап – изучение фертильности ремонтного молодняка с учетом генов продуктивного действия» государственного задания МСХ РФ №082-03-2024-2120/3 от 25.04.2024 г.

Полученные результаты изложены на следующих научных конференциях:

- 88-я научно-практическая конференция «Аграрная наука – Северо-Кавказскому федеральному округу» (01 июня 2023 г., г. Ставрополь);
- Международная научно-практическая конференция, посвященная 95-летию Национальной академии наук Беларуси «Проблемы биотехнологии, селекции, кормления и кормопроизводства современного животноводства» (19 октября 2023 г., г. Жодино);
- V международная научно-практическая конференция «Передовые достижения науки в молочной отрасли» (26 октября 2023 г., Вологда-Молочное);
- 89-я научно-практическая конференция «Аграрная наука – Северо-Кавказскому федеральному округу» (06 июня 2024 г., г. Ставрополь);

Публикация результатов исследования. По теме диссертации опубликовано 11 научных работ, из них 3 статьи в рецензируемых изданиях, рекомендованных ВАК Минобрнауки России, 2 статьи в российских журналах, входящих в RSCI, 2 статьи в изданиях, индексируемых в международной базе цитирования Scopus, 4 статьи, входящих в сборники научных конференций.

Объем и структура диссертации. Материалы диссертации изложены на 130 страницах машинописного текста. Работа иллюстрирована 35 таблицами и 7 рисунками. Структура рукописи включает введение, обзор литературы, методическую часть, главу собственных исследований, заключение, предложения производству и перспективы развития темы. Список литературы состоит из 260 источников, включая 97 зарубежных авторов. Работа содержит список сокращений.

Личный вклад соискателя. Участие автора состоит в постановке научной проблемы, определении задач и выборе методов их решения. Экспериментальная часть работы, включая формирование выборок животных, мониторинг показателей роста и продуктивности, а также анализ генетической структуры стада, выполнена автором лично. Соискатель самостоятельно провел биометрическую обработку данных, интерпретировал полученные результаты и подготовил их к публикации. Диссертация представляет собой самостоятельное завершённое научное исследование, обладающее научной новизной и практической значимостью для молочного скотоводства.

ОСНОВНАЯ ЧАСТЬ

1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

1.1. Состояние и перспективы использования молочных пород крупного рогатого скота в России

Молочное скотоводство играет ключевую роль в обеспечении продовольственной безопасности России, поставляя на рынок молоко и молочные продукты, и его эффективное развитие является одним из приоритетов аграрной политики. Отрасль молочного скотоводства оказывает существенное влияние на экономику всего сельского хозяйства. Линейка молочных продуктов в России довольно широка, начиная с молока цельного и заканчивая продуктами глубокой переработки в виде различных твердых сыров (Х.А. Амерханов, 2010; Х.А. Амерханов, Н.И. Стрекозов, 2012; В.И. Чинаров, Н.И. Стрекозов, А.В. Чинаров, 2017; И.В. Гончаренко, 2019).

В XX веке отечественное животноводство имело ярко выраженную молочную специализацию, выступая ключевым источником как молока, так и мясного сырья, однако показатели продуктивности животных оставались на невысоком уровне (Н.И. Стрекозов и др., 2009; И.М. Дунин, А.Г. Данкверт, А.В. Кочетов, 2013).

Экономические преобразования, стартовавшие в 90-е годы прошлого столетия, спровоцировали значительное сокращение объемов производства продовольствия, включая молочную продукцию. Главной причиной этого стал кризис в животноводческой отрасли. Численность крупного рогатого скота сократилась в 2,2 раза: с 57 млн голов в начале 90-х до 25,7 млн к 2003 году, опустившись до показателей 1949–1953 годов. Валовое производство молока за этот период упало на 40,2% – с 55,7 млн тонн в 1990 г. до 33,3 млн тонн в 2003 г. (В.Л. Соколин, Э.Ф. Баранов, М.И. Гельвановский, 2004; В.И. Шаркаев, Г.А. Шаркаева, 2013; Г.А. Шаркаева, 2013; А.И. Клименко и др., 2015).

Анализ динамики численности и продуктивности молочного скота показывает, что отрасль находится в процессе трансформации. Наблюдается тенденция к

некоторому сокращению общего поголовья коров при одновременном росте продуктивности, что говорит об интенсификации производства (А.Ф. Шевхужев и др., 2018; Д.В. Бобылева, К.Ю. Хатанов, 2018; Н.И. Абрамова и др., 2021).

Так снижение поголовья крупного рогатого скота молочного направления продуктивности за период 2015 – 2023 гг. составило 9,0%, при этом поголовье коров сократилось на 7,53% (рис. 1) (Ежегодник по племенной работе..., 2023; Ежегодник по племенной работе..., 2024). Причем, такая же аналогичная тенденция наблюдается по сельскохозяйственным организациям и хозяйствам населения, где показатели снижения общего поголовья крупного рогатого скота и коров составили, соответственно, 8,27% и 7,62% – для сельскохозяйственных организаций, и 24,4% и 23,06% – для хозяйств населения. Снижение поголовья КРС и коров в хозяйствах населения почти в 3 раза превышало аналогичный показатель для сельскохозяйственных организаций, что отображает, вероятно, более высокую экономическую устойчивость сельскохозяйственных организаций.

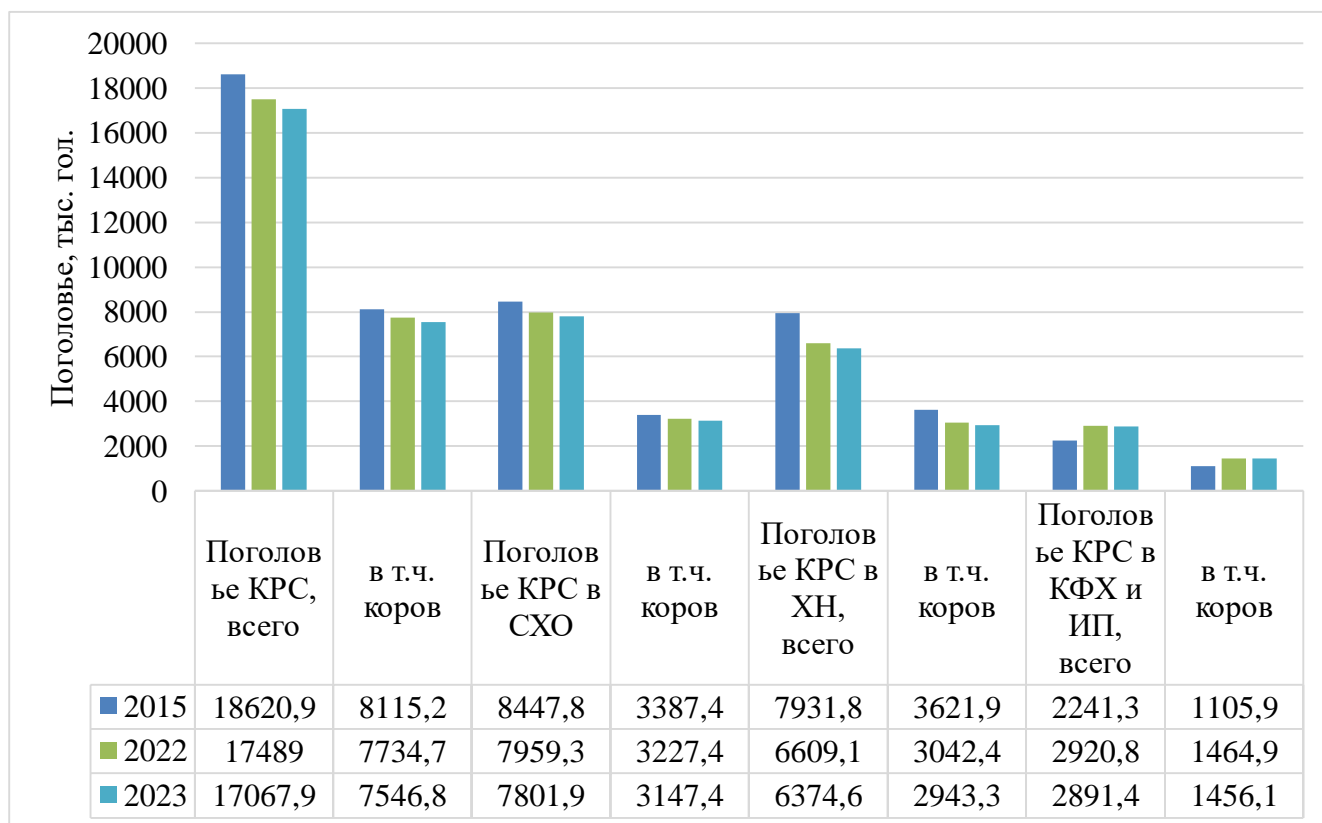


Рисунок 1 – Динамика поголовья КРС молочного направления продуктивности в РФ за период 2015 – 2023 гг., тыс. гол.

В то же время, наблюдается увеличение поголовья КРС молочного направления продуктивности и коров в крестьянско-фермерских хозяйствах и хозяйствах индивидуальных предпринимателей, рост поголовья КРС и коров составил, соответственно, 29,01% и 31,67% (Г.И. Шичкин и др., 2023)

Анализ молочной продуктивности коров в среднем по России по всем категориям хозяйств показывает, что за период 2015 – 2023 гг. наблюдается увеличение надоев коров, в среднем на 1 голову на 1290 кг или 31,2%. Аналогичная тенденция наблюдается также по сельскохозяйственным организациям и хозяйствам населения, что отображает позитивный эффект селекции в целом, по этим категориям хозяйств (рис. 2).

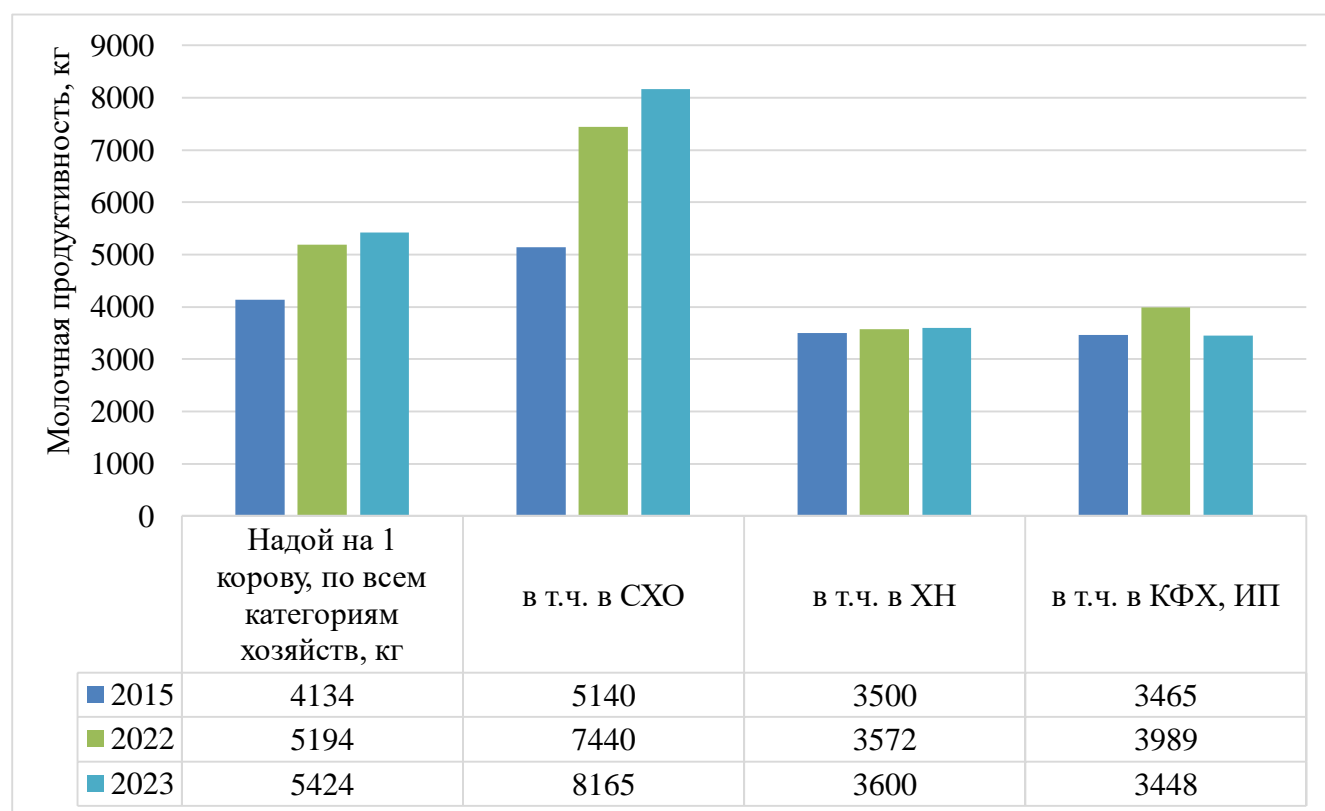


Рисунок 2 – Динамика молочной продуктивности коров по всем категориям хозяйств в РФ за период 2015 – 2023 гг.

Так, в хозяйствах населения увеличение надоев коров, в среднем на 1 корову составило 100 кг или 2,85%. В сельскохозяйственных организациях увеличение надоев коров, в среднем на 1 корову в указанном периоде было наибольшим и составило 3025 кг или 58,85%, что отображает направленную селекционно-племенную работу и наилучший менеджмент стада в этой категории хозяйств.

Поголовье чистопородного молочного скота в РФ за период 2015 – 2023 гг. сократилось с 2968,53 тыс. голов до 2597,59 тыс. голов, на 370,94 тыс. голов или на 12,5%. Среди существующих 24 пород КРС молочного и молочно-мясного направления продуктивности, наибольшее распространение (удельный вес свыше 1% от общей численности поголовья) получили 8 пород: айрширская, голштинская, красная степная, красно-пестрая, симментальская, холмогорская, черно-пестрая и ярославская (рис. 3).

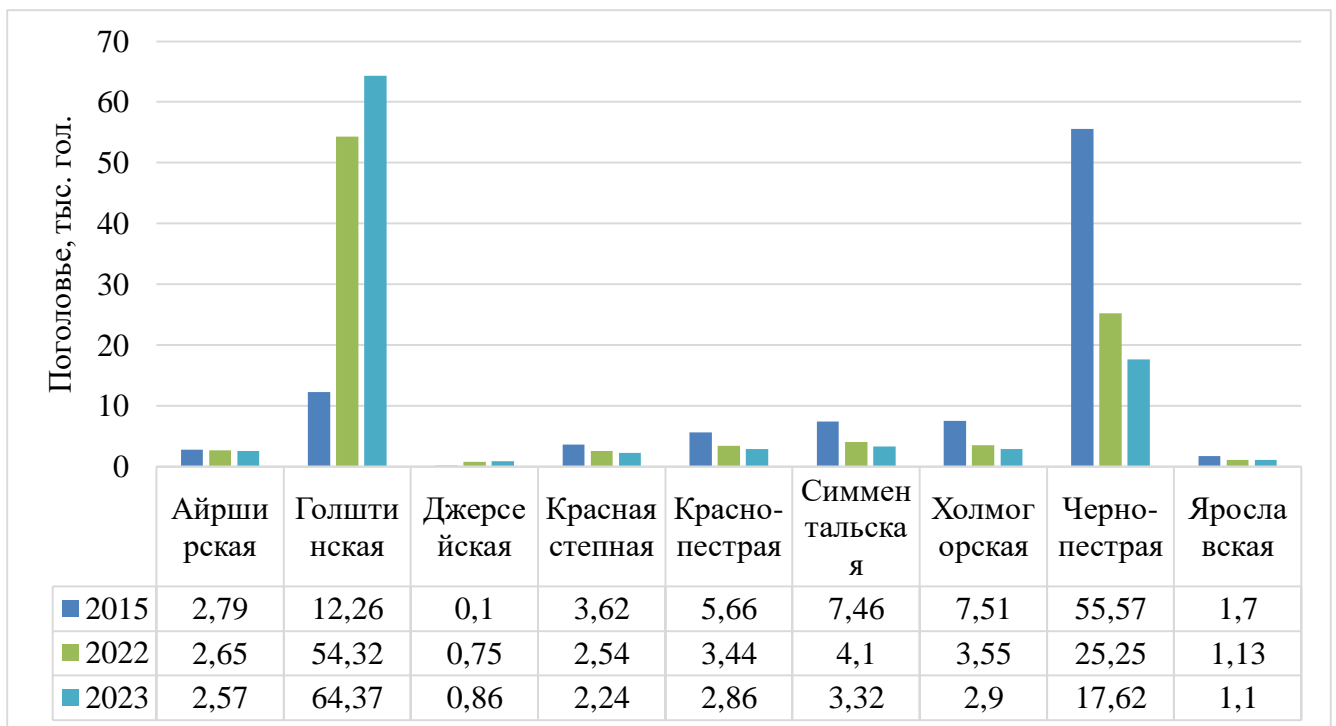


Рисунок 3 – Относительная численность поголовья основных пород КРС молочного направления продуктивности в РФ

Причем, доминирующее положение занимают голштинская и черно-пестрая породы – суммарно они составляют 81,99%, что является следствием высокого разнообразия быков-производителей, генетический материал (бычье семя) которых импортируется из стран-членов ICAR.

Отдельно следует выделить джерсейскую породу крупного рогатого скота среди остальных молочных пород. Несмотря на пока еще низкий удельный вес поголовья этой породы – 0,86%, тем не менее, увеличение поголовья племенного скота джерсейской породы в России за период 2015-2023 гг. составило в 8,6 раз, такого темпа увеличения чистопородного скота не отмечено больше ни у одной из молочных пород РФ.

Поставки бычьего семени по импорту, безусловно, сыграли свою позитивную роль в увеличении молочной продуктивности основных пород российского поголовья племенного молочного скота (рис. 4).

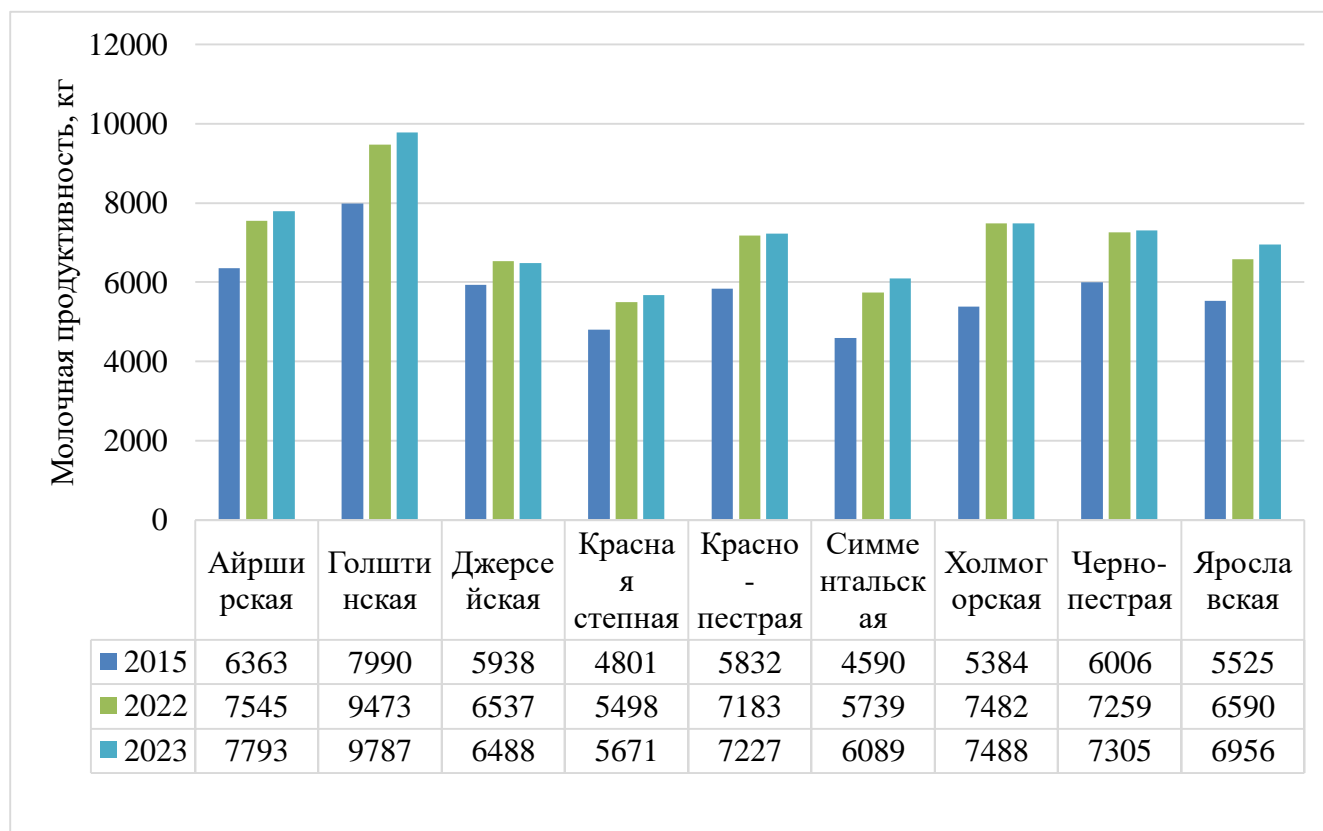


Рисунок 4 – Динамика молочной продуктивности основных молочных пород КРС в РФ за период 2015 – 2023 гг.

Увеличение молочной продуктивности коров за период 2015-2023 гг. составило 22,47% по айрширской породе, соответственно и по другим породам: 24,01% – по голштинской породе, 9,26% – по джерсейской породе, 18,12% – по красной степной породе, 23,91% – по красно-пестрой породе, 32,65% – по симментальской породе, 39,07% – по холмогорской породе, 21,62% – по чернопестрой породе, 25,90% – по ярославской породе (Г.И. Шичкин и др., 2022; Ежегодник по племенной работе..., 2022; Г.И. Шичкин и др. 2023).

Важным показателем эффективности национального молочного скотоводства является соответствие уровня производства и потребностей потребления молока на душу населения, в соответствии с Доктриной продовольственной безопасности России (2020), где указано, что уровень самообеспечения отечественного производства в отношении молока и молочных продуктов, в пересчете на

молоко, должен быть на уровне не менее 90%. В соответствии с рекомендациями Минздрава России, потребление молока на душу населения должно составлять 322 кг (Приказ Минздрава России..., 2022).

В соответствии с медицинскими нормами, уровень потребления молока в России составляет 74,8% от потребности, что подчеркивает важность повышения эффективности производства молока, повышения молочной продуктивности коров, улучшения качества молочного сырья.

Анализ структуры производства молока по категориям хозяйств, в процентном соотношении от общего производства в хозяйствах всех категорий показывает, что более половины молока производится в сельскохозяйственных организациях в условиях промышленного производства молока (рис. 5).

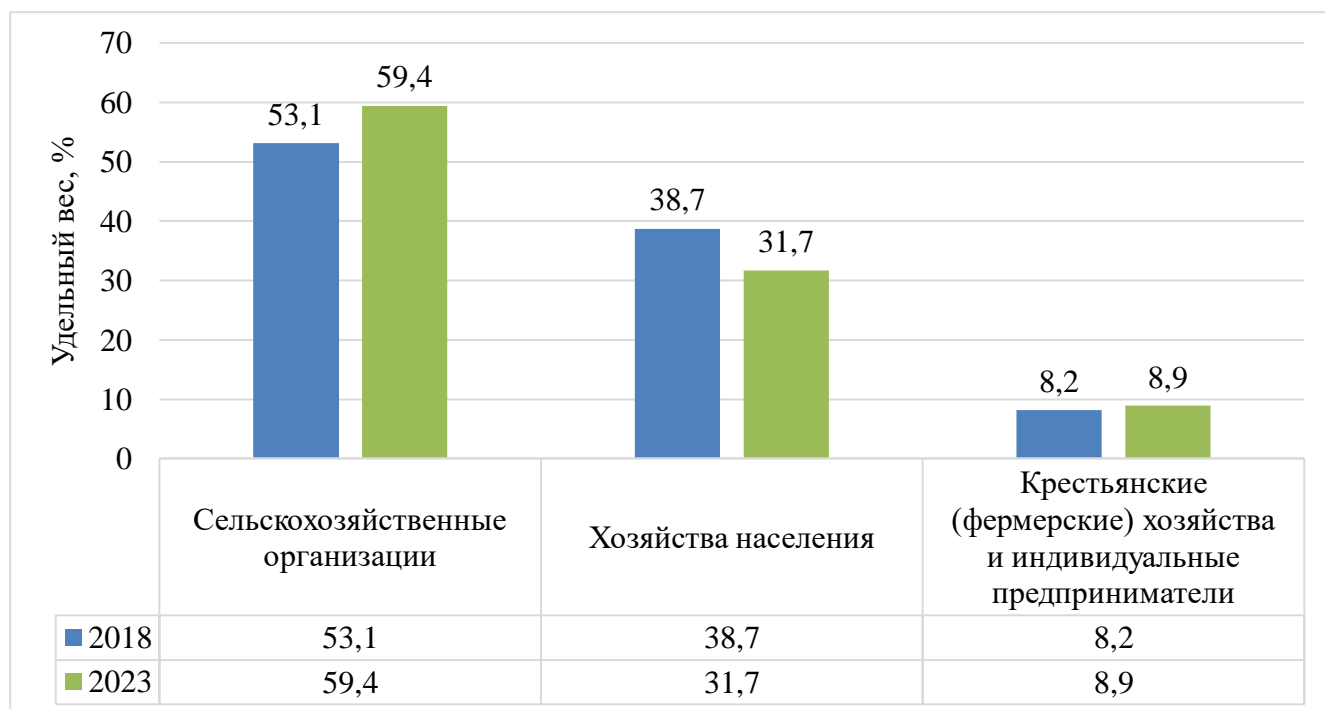


Рисунок 5 – Структура производства молока в РФ по категориям хозяйств, в % от общего производства в хозяйствах всех категорий

Причем, на протяжении 2018-2023 гг. удельный вес промышленного производства молока вырос на 6,3%, что подчеркивает успешность выбранного курса по применению инструментов государственной поддержки производства молока и проведения племенной работы с молочным скотом в сельскохозяйственных организациях.

Промышленное производство молока в условиях поточно-цеховой системы организации производства позволяет систематически повышать эффективность производства и улучшать качество молочного сырья до уровня европейских и мировых стандартов (В.И. Трухачев и др., 2014).

Интеграция производства и переработки молока в рамках агрохолдингов или кластеров, как показывает практика, повышает рентабельность молочного бизнеса и обеспечивает более тесное взаимодействие между производителями и переработчиками (Т.В. Байбакова, 2017; Г.Р. Ибрагимова, Л.Ф. Ситдикова, 2019; В.Г. Кайшев и др., 2023).

Молочное скотоводство России, невзирая на текущие вызовы, характеризуется существенным потенциалом роста. Его реализация во многом зависит от эффективного использования генетического потенциала различных молочных пород, как мирового генофонда, так и ценных отечественных пород, с особым вниманием к их адаптационным возможностям и сохранению уникальных характеристик. Внедрение инновационных технологий, совершенствование селекционно-племенных программ и адекватная государственная поддержка являются необходимыми условиями для повышения продуктивности, конкурентоспособности отрасли, обеспечения населения качественной молочной продукцией и укрепления продовольственной безопасности страны (Л.В. Бабичева, 2017; В.Я. Кавардаков, И.А. Семененко, 2018; В.Г. Кайшев, О.В. Сычева, 2021; В.Г. Кайшев и др., 2021; М.В. Шуварин и др., 2021; С.А. Олейник и др., 2022).

В этой связи, проведение дальнейших исследований, нацеленных на решение актуальных отраслевых проблем и поиск инновационных путей развития, остается приоритетной задачей.

1.2. История формирования и современное состояние джерсейской породы крупного рогатого скота

Джерсейская порода крупного рогатого скота – одна из старейших и наиболее экономически значимых молочных пород в мире. Её история и развитие тесно связаны с островом Джерси и демонстрируют уникальный пример селекции в

условиях географической изоляции. Остров Джерси, расположенный в проливе Ла-Манш, был заселен людьми с континентальной Европы, которые привозили с собой свой скот. Предполагается, что предки джерсейской породы попали на остров с нормандскими и бретонскими поселенцами из Франции. Точное происхождение предков остается предметом дискуссий, но большинство исследователей сходятся во мнении, что в формировании породы участвовали местные островные коровы, а также скот из Нормандии и Бретани (А.Г. Данкверт, 2004).

Ключевым этапом в становлении породы стала ее строгая изоляция. Начиная с 1789 года, был введен законодательный запрет на импорт любого племенного скота на остров, который действовал более 200 лет. Эта изоляция была официально отменена лишь в 2008 году, что было вызвано необходимостью повышения продуктивности островного стада в сравнении с мировыми популяциями джерси, достигшими значительного генетического прогресса (Н.Д. Huson и др., 2020).

Строгая изоляция позволила сохранить чистоту породы и закрепить желательные признаки: высокую жирность молока, небольшой размер, покладистый нрав и адаптивность к островному климату, характеризовавшемуся мягкими зимами и обильными пастбищами (Н.Д. Huson и др., 2020).

Начиная с середины XIX века, джерсейский скот начал экспортироваться, первоначально в Англию и США, а затем и в другие страны, включая Канаду, Австралию, Новую Зеландию, Южную Африку и страны Латинской Америки. Высокая жирность и качество молока джерсейских коров, а также их способность адаптироваться к различным климатическим условиям, быстро сделали породу популярной среди производителей сыра и масла (L. Chikhi et al., 2004; O. Opoola et al., 2022).

Джерсейская порода остается одной из самых распространенных молочных пород в мире, занимая второе место по численности после голштинской (FAO, 2010). Она ценится за высокую жирность и белковость молока, эффективность конверсии корма и адаптивность. Средняя жирность молока джерсейской коровы составляет 4.8-5.5%, но может достигать 6% и выше (L.A. Olthof, J.J. Domescq, B.J. Bradford., 2023; A. Kassahun и др., 2023). Это значительно выше, чем у большин-

ства других молочных пород. Содержание белка в молоке джерси также высокое (3.6-4.2%), что делает его особенно ценным для сыроделия (J.L. Carper, R.A. Cady, 2012). Молоко джерси содержит больше казеина (основного белка молока, важного для образования сырного сгустка) по сравнению с молоком других пород (I. Goncharenko, D. Vynnychuk, 2014; Е.Н. Юрченко и др., 2021; Е.Р. Блюм, О.М. Мухтарова, 2022; К.К. Кулибеков, 2024).

Современные джерсейские коровы показывают значительный прогресс в молочной продуктивности по сравнению с их предками. Средний удой составляет 5000-7000 кг молока за лактацию, а лучшие представители породы могут давать 8000-10000 кг и более (D. Kabakci, R. Aydın, 2022; A. Kassahun и др., 2023; L.A. Olthof et al., 2023)

Ключевым экономическим преимуществом джерсейской породы является ее высокая эффективность, обусловленная сочетанием небольшого размера тела и способности производить молоко с высоким содержанием сухих веществ. Меньшая живая масса означает более низкие поддерживающие потребности в энергии и питательных веществах по сравнению с более крупными породами. В сочетании с производством молока, исключительно богатого жиром и белком, это часто приводит к высокой эффективности конверсии корма – джерси способны производить больше килограммов молочного жира и белка на единицу потребленного сухого вещества корма (T.R. Mackle и др., 1996; В.А. Перепелкина, 2015; В.И. Трухачев, Н.З. Злыднев, М.И. Селионова, 2016; R.C. Handcock и др., 2019; И.П. Иванова, Е.Н. Юрченко, 2023; В.М. Nascimento и др., 2023).

Генетические исследования с использованием РНК-секвенирования подтверждают, что селекция на повышение эффективности использования корма является одним из приоритетных направлений для породы (S. Lam и др., 2021). Эта внутренняя эффективность дополняется их хорошей адаптивностью к условиям окружающей среды. В частности, джерсейские коровы демонстрируют лучшую переносимость жаркого климата по сравнению со многими другими молочными породами умеренного пояса. Хотя точные физиологические механизмы продолжают изучаться, предполагается, что это связано с большим отношением площади

поверхности тела к массе (что способствует теплоотдаче), а также, возможно, с особенностями метаболизма (R.J. Collier и др., 1981; D. Lim и др., 2021; V. Jurkovich и др., 2023). Это физиологическое преимущество выражается в меньшем снижении потребления корма и молочной продуктивности в периоды теплового стресса, что делает породу особенно востребованной и популярной для молочных хозяйств в тропических, субтропических и других регионах с жарким климатом по всему миру

Из-за относительно небольшой популяции и длительной истории чистопородного разведения, джерсейская порода подвержена риску инбридинга (близкородственного скрещивания) (K. Stachowicz и др., 2011). Инбридинг может привести к снижению продуктивности, ухудшению здоровья и снижению фертильности (J. R. Thompson, R. W. Everett, C. W. Wolfe, 2000; M. C. Keller, P. M. Visscher, M. E. Goddard, 2011; D.W. Bjelland и др., 2013; H.D. Blackburn и др., 2014; E.S. Kim и др., 2015). Для борьбы с инбридингом используются программы подбора пар, геномная оценка и обмен генетическим материалом между разными популяциями джерсейского скота (H.J. Nuson и др., 2020).

Джерсейская порода крупного рогатого скота представляет собой уникальный пример успешной селекции, которая на протяжении веков велась в условиях географической изоляции. Благодаря своим выдающимся характеристикам – высоким показателям жира и белка в молоке, эффективности использования корма и адаптивности джерсейский скот завоевал популярность во всем мире. Современная селекция, основанная на передовых технологиях, направлена на дальнейшее совершенствование породы и решение существующих проблем, обеспечивая ее устойчивое развитие в будущем.

1.3. Традиционные и современные подходы к оценке признаков продуктивности крупного рогатого скота молочного направления

Оценка молочной продуктивности и экстерьерных характеристик крупного рогатого скота является фундаментальной основой для селекционно-племенной работы и эффективного управления молочным стадом (А.В. Мартынов, Т.В. Пав-

лова, Н.В. Казаровец, 2012; В.И. Гудыменко и др., 2015; Т.В. Павлова, Н.В. Казаровец, А.В. Мартынов, 2018). Точность и объективность собираемых данных оказывают прямое влияние на скорость генетического прогресса, экономическую отдачу производства и степень реализации генетического потенциала животных (М.Б. Улимбашева и др., 2024). На протяжении истории развития зоотехнии были разработаны и постоянно совершенствуются разнообразные методы оценки этих ключевых признаков, начиная от традиционных подходов и заканчивая современными высокотехнологичными системами (С.П. Можаяев, К.А. Плотников, Н.П. Скрынников, 2020).

Молочная продуктивность представляет собой комплексный признак, который включает как количественные показатели (удой), так и качественные характеристики (содержание жира, белка, соматических клеток и др.), а также параметры, связанные с продуктивным долголетием животного, такие как продолжительность лактации и пожизненная продуктивность (Е.А. Тяпугин и др., 2016; Ю.В. Пославская, Е.И. Федорович, П.В. Боднар), 2017; Д.К. Найманов и др., 2019).

Основным и исторически наиболее распространенным методом количественного учета молока являются контрольные доения, проводимые с определенной периодичностью, чаще всего ежемесячно. Данные таких доений служат основой для расчета удоя за стандартную (305 дней) или полную лактацию. Несмотря на относительную простоту и доступность, этот метод трудоемок, подвержен ошибкам при ручном измерении и записи, а также дает лишь дискретное представление о динамике лактации. Качественно новым этапом в учете молока стало внедрение автоматизированных систем доения (АСД), в том числе роботизированных комплексов, которые обеспечивают автоматический учет удоя при каждом доении индивидуально для каждой коровы (N. Aslam и др., 2014; И.М. Донник, О.Г. Лоретц, 2014; И.А. Тихомиров, В.К. Скоркин, 2020; Л.Р. Загидуллин, Р.Р. Хисамов, Р.Р. Шайдуллин, 2021). Эти системы гарантируют высокую точность и непрерывность сбора данных, снижают трудозатраты и легко интегрируются в общие системы управления стадом, хотя их внедрение и обслуживание требуют значительных инвестиций. Согласно информации, представленной на

официальном сайте Международного комитета регистрации животных (ICAR), для сравнения продуктивности животных и их генетической оценки важное значение имеет расчет удоя за стандартизированный период, как правило, 305 дней лактации, что соответствует международным рекомендациям. Кроме того, для оценки продуктивного долголетия используется показатель пожизненной продуктивности, суммирующий удои за все лактации, однако его прямая оценка затруднена из-за длительности периода (И.А. Тихомиров и др., 2016).

Оценка качества молока не менее важна, чем учет его количества. Ключевыми показателями являются содержание жира и белка, определяющие пищевую ценность и технологические свойства сырья, что особенно актуально для пород, ценящихся за высокое содержание компонентов, таких как джерсейская. Если ранее доминировали химические методы анализа, то сегодня повсеместно используется инфракрасная спектроскопия (ИКС), позволяющая быстро и с высокой точностью определять массовую долю жира, белка, лактозы, СОМО и других компонентов в пробах молока, отбираемых во время контрольных доек (И.А. Лашнева, А.А. Сермягин, 2020; V. Trukhachev и др., 2021; В.И. Трухачев и др., 2021; Л.В. Легашев и др., 2022; А.А. Сермягин, 2022; С.А. Олейник и др., 2023). Важнейшим индикатором здоровья вымени и гигиенического качества молока является количество соматических клеток (КСК), для определения которого применяются как экспресс-методы для диагностики мастита, так и точные лабораторные счетчики клеток или проточная цитометрия (Т. Lam и др., 2009; В.В. Черненко, М.А. Ткачев, Ю.Н., Черненко, 2019; Z. Deng и др., 2020; А.А. Сермягин и др., 2021). При необходимости также анализируется содержание мочевины, казеина и других специфических компонентов (Д.С. Буклагин, 2019).

Реализация генетического потенциала скота является приоритетом в современном молочном животноводстве. Ключевую роль здесь играет направленное выращивание ремонтного молодняка, где основными индикаторами качества служат живая масса и интенсивность роста (О.Н. Бургомистрова, Н.И. Абрамова, О.Л. Хромова, 2018).

Оптимизация скорости роста телок – это инструмент повышения эффективности производства. В. И. Комлацкий, О.Н. Еременко (2021) и А. Kramarenko с соавт. (2022) указывают, что управление этим процессом позволяет увеличить пожизненный удой и экономическую отдачу от животного. При этом важно избегать крайностей: как дефицит массы, так и избыточная упитанность (перекорм) ведут к снижению будущей продуктивности (О.К. Гогаев и др., 2016; О.Н. Бургомистрова и др., 2018). Это подтверждается данными G.M. Chuck с соавт. (2018) и L. Boyle с соавт. (2022), которые выявили, что самые тяжелые телки не всегда становятся самыми удойными коровами.

Следовательно, задача состоит в достижении оптимальных показателей развития, которые зависят от генотипа и условий среды (M. Busanello и др., 2022; M. Saadullah и др., 2020; Н.П. Сударев и др., 2021). Бразильские исследователи (M. Busanello и др., 2022) подчеркивают, что каждая молочная порода имеет свой уникальный уровень развития, необходимый для пиковой продуктивности.

Для джерсейской породы ориентиром могут служить стандарты, описанные J.K. van Niekerk с соавт. (2021) на примере стада университета Миссури (США). В университетском стаде масса новорожденных бычков составляет в среднем 26,1 кг, телочек – 23,9 кг. Принятые стандарты развития включают: вес при рождении – 27 кг, в 2 месяца – 55 кг, при наступлении половой зрелости – 205 кг, при осеменении – 250 кг, и после первого отела – 385 кг. Целевой среднесуточный прирост от рождения до стельности зафиксирован на уровне 540 г.

Полноценное кормление и совершенствование технологий выращивания, по мнению З.Э. Щербатого с соавт. (2014), L. Nan с соавт. (2021) и R. Salte с соавт. (2020), жизненно необходимы для формирования иммунитета, развития организма и обеспечения высокой репродуктивной и молочной эффективности в течение жизни животного.

Оценка экстерьера крупного рогатого скота нацелена на определение соответствия животного стандарту породы, выявление особенностей телосложения, имеющих связь с продуктивностью, здоровьем, воспроизводительными качествами и долголетием (И.Н. Коронец, 2016; В.И. Трухачев и др., 2022). Традиционным

методом является визуальная (глазомерная) оценка или бонитировка, при которой опытный специалист оценивает общий вид и отдельные стати животного по балльной шкале (В.И. Трухачев и др., 2022). Основным недостатком этого метода является его субъективность. Более объективный подход – измерение статей тела (промеров) с помощью специальных инструментов, что позволяет получить количественные данные и рассчитать индексы телосложения, характеризующие пропорциональность развития животного (Т.Ф. Лефлер, В.В. Багаев, 2014). Однако этот метод достаточно трудоемок.

В современной практике широкое распространение получила линейная оценка экстерьера, рекомендованная Международной организацией регистрации животных (ICAR). Она предусматривает детализированную оценку отдельных описательных признаков (форма вымени, постановка конечностей, молочный тип и др.) по линейной шкале (обычно 1-9 баллов), что обеспечивает большую объективность и информативность для генетической оценки. Эта система особенно важна для пород с выраженными экстерьерными особенностями, как джерсейская. В зоотехнической практике принято различать три базовых конституциональных типа животных. Лептосомный (узкотелый) тип отличается утонченным костяком, слабо выраженной мускулатурой и минимальным развитием жировой ткани. Мезосомный тип характеризуется пропорциональным сложением, занимая промежуточное положение с гармоничным развитием скелета и мягких тканей. Эйрисомный (широкотелый) тип выделяется массивностью костной системы, объемной мускулатурой и выраженной склонностью к накоплению подкожного жира.

Существует ряд исследований, подтверждающих корреляцию между особенностями телосложения и уровнем молочной продуктивности. Так, С.Е. Яковлева, С.И. Шепелев, Е.А. Лемеш (2018), а также С.Д. Батанов с соавторами (И. А. Баранова, О. С. Старостина, 2019) пришли к выводу, что наиболее высокие удои характерны для коров эйрисомного типа конституции. Ключевым индикатором здесь выступает развитие грудной клетки: у животных эйрисомного типа обхват

груди за лопатками, свидетельствующий о развитии внутренних органов, превышает показатели представителей других типов на 4–6%.

Противоположные данные получены в работах другой группы исследователей: Т. Ф. Лефлера, Н. Н. Кириенко, О. В. Зайцевой (2016), А. П. Вельматова, Т. Н. Тишкиной, О. В. Костина (2019), а также А. Ф. Контэ, А. Н. Ермилова и А. А. Сермягина (2020). Согласно их результатам, лидерами по валовому надою являются коровы лептосомного типа, превосходящие эйрисомных сверстниц в среднем на 33%. Однако было отмечено, что при высоком объеме продукции лептосомные животные уступают эйрисомным по качественным характеристикам молока.

Несмотря на достигнутый прогресс, в методологии оценки остаются проблемы, связанные с субъективизмом, трудоемкостью, стоимостью и недостаточным учетом функциональных аспектов экстерьера. Перспективы совершенствования лежат в области повышения объективности за счет автоматизации и цифровизации, интеграции фенотипических и геномных данных, разработки новых информативных признаков (связанных со здоровьем, долголетием, эффективностью), стандартизации методов в соответствии с международными нормами.

Современные подходы к анализу данных молочной продуктивности включают использование тест-дневных моделей (TDM), которые позволяют более точно оценить влияние различных генетических и средовых факторов на удой в конкретный день, что повышает достоверность оценки племенной ценности животных (А.А. Сермягин, В.И. Сельцов, 2015; В.И. Трухачев и др., 2022). Революционным методом стала геномная оценка, основанная на анализе ДНК-маркеров (SNP), позволяющая прогнозировать генетический потенциал по молочной продуктивности уже в раннем возрасте, что значительно ускоряет селекционный процесс (А.А. Сермягин и др., 2016; Р.В. Березовик и др., 2023).

В заключение, методология оценки молочной продуктивности и экстерьера крупного рогатого скота непрерывно развивается, двигаясь от традиционных методов к комплексным автоматизированным и геномным подходам. Повышение точности, объективности и информативности оценки является ключевым факто-

ром для ускорения генетического прогресса и эффективности молочного скотоводства. Точная и всесторонняя оценка фенотипических признаков с использованием рассмотренных методологий является необходимой предпосылкой для достоверного изучения ассоциаций с генетическими маркерами.

1.4. Молекулярно-генетические методы в животноводстве

Достижения в области молекулярной генетики и геномики за последние десятилетия коренным образом изменили подходы к изучению и управлению наследственностью сельскохозяйственных животных (А.А. Сермягин и др., 2015; В.М. Косолапов, Н.Н. Козлов, И.А. Клименко, 2018; Ю.А. Столповский, А.К. Пискунов, Г.Р. Свищева, 2020). Понимание структуры и функции генов, а также разработка методов манипуляции с ДНК открыли беспрецедентные возможности для интенсификации селекционного процесса, повышения продуктивности, улучшения качества продукции, контроля генетических заболеваний и сохранения биоразнообразия (В.В. Алтухова, А.В. Востроилов, 2023; К.Е. Артемов, Е.С. Артемов, 2024; Н.Ю. Лукинов и др., 2024). Молекулярно-генетические методы превратились из сугубо исследовательских инструментов в неотъемлемую часть современной зоотехнической науки и практики (Х.А. Амерханов и др. 2023).

Количество молекулярно-генетических методов постоянно увеличивается, однако несколько ключевых технологий легли в основу большинства современных исследований. Фундаментальным методом является полимеразная цепная реакция (ПЦР), позволяющая многократно копировать специфические участки ДНК *in vitro* (Ю.В. Прохорова, 2008; Е.И. Кийко, 2011). Благодаря высокой чувствительности и специфичности, ПЦР широко применяется для детекции генов-кандидатов, анализа полиморфизмов (SNP, инделы), диагностики заболеваний, определения пола, контроля происхождения и идентификации (Х.Б. Баймишев, В.В. Землянкин, 2009; Н.Н. Новикова, В.С. Власенко, 2023). Различные модификации ПЦР, такие как ПЦР в реальном времени, еще более расширяют ее возможности (С.Н. Ковальчук, А.В. Бабий, С.А. Бурсаков, 2018; А.А. Тагмазян, А.Л. Архипова, С.Н. Ковальчук, 2019; А. Гериш и др., 2020; А.А. Зимина и др., 2020). Ис-

торически важным был метод анализа полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ, RFLP), основанный на различиях в сайтах рестрикции (D. Botstein и др., 1980). Он использовался для картирования генов и идентификации маркеров, но из-за трудоемкости и ограниченной информативности его применение сократилось, хотя ПЦР-ПДРФ все еще может использоваться для анализа известных полиморфизмов (Ф.Ф. Зиннатов и др., 2021).

Высокоинформативным подходом является анализ микросателлитных маркеров (STR-анализ), основанный на вариациях числа коротких tandemных повторов (D. Tautz, 1989). Высокий полиморфизм STR делает их идеальным инструментом для ДНК-паспортизации, контроля происхождения, оценки генетического разнообразия и инбридинга (О.А. Епишко, Л.А. Танана, В.В. Пешко, 2014). Стандартизированные панели STR-маркеров рекомендованы Международным обществом по изучению генетики животных (ISAG) для генетической экспертизы крупного рогатого скота.

Предельную точность в изучении генетических вариаций дает секвенирование ДНК – определение нуклеотидной последовательности. Наряду с классическим методом Сэнгера (А.Г. Бородинов и др., 2020), революцию произвели технологии секвенирования нового поколения (NGS), позволяющие анализировать целые геномы (WGS), экзомы (WES) или транскриптомы (RNA-Seq) (Y. Bai, M. Sartor, J. Cavalcoli, 2012; A. Esposito и др., 2016). NGS является мощнейшим инструментом для поиска новых генов и мутаций, но требует сложных биоинформатических подходов для анализа данных (Л.И. Шагам, В.Ю. Воинова, 2016).

Особое значение в современной селекции приобрел анализ однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) – наиболее частого типа генетической изменчивости (M.D. Mai и др., 2010). Массовое генотипирование SNP, обычно с помощью ДНК-микрочипов (SNP-чипов), позволяет одновременно анализировать сотни тысяч маркеров у одного животного (J. Маха и др., 2012). Эта технология лежит в основе геномной селекции и полногеномных ассоциативных исследований (GWAS). Дополняют его методы, основанные на гибридизации нуклеиновых кислот, такие как ДНК-зонды и микрочипы для анализа экспрессии генов или вариаций числа

копий генов (CNV), предоставляя информацию о функциональной активности генома и его крупных структурных перестройках (В.И. Глазко, 2012).

Перечисленные методы находят широкое практическое применение. Маркер-ориентированная селекция (MAS) использует ДНК-маркеры, сцепленные с локусами количественных признаков (QTL), для отбора животных с желательным генотипом, что особенно эффективно для трудноизмеряемых или поздно проявляющихся признаков, таких как качество молока или устойчивость к болезням (Е.И. Кийко, 2010; М.И. Селионова, А.-М. М. Айбазов, 2014; Т.В. Мамонтова, А.-М.М. Айбазов, 2016; В.И. Трухачев и др., 2017). Геномная селекция (GS), основанная на анализе SNP по всему геному, позволяет значительно повысить точность оценки племенной ценности (GEBV), особенно у молодых животных, и ускорить генетический прогресс, став стандартом в молочном скотоводстве (А.А. Сермягин, Н.А. Зиновьева, 2019; А.Е. Калашников и др., 2021).

Наконец, геномная инженерия и редактирование генома (CRISPR/Cas9) открывают перспективы направленного улучшения животных, хотя и сопряжены с техническими и этическими сложностями (Р.Д. Сапармырадов, Д.К. Ходжамамедова, 2025).

Несмотря на впечатляющие успехи, широкое внедрение молекулярно-генетических методов сдерживается рядом факторов. Высокая стоимость некоторых технологий, особенно полногеномного секвенирования и SNP-чипов, ограничивает их доступность. Анализ огромных массивов геномных данных требует развитой биоинформатической инфраструктуры и специалистов. Генетическая основа многих комплексных признаков (репродукция, долголетие) изучена недостаточно, что затрудняет разработку эффективных маркеров. Перспективы развития связаны со снижением стоимости технологий, совершенствованием биоинформатики, накоплением знаний о функциональной геномике, разработкой новых стратегий геномной селекции.

В заключение, молекулярно-генетические методы прочно вошли в современную зоотехнику и селекцию, предоставляя мощные инструменты для анализа и целенаправленного изменения наследственности сельскохозяйственных живот-

ных. Их применение способствует повышению эффективности селекции, улучшению здоровья и продуктивности скота, контролю происхождения и сохранению генетических ресурсов. Несмотря на существующие вызовы, дальнейшее развитие технологий и углубление фундаментальных знаний открывают широкие перспективы для еще более эффективного использования молекулярной генетики в интересах животноводства.

1.5. Генетические маркеры продуктивности и их роль в селекции крупного рогатого скота

Интенсификация селекции крупного рогатого скота молочного направления во многом обязана внедрению молекулярно-генетических маркеров, которые позволили глубже понять генетическую детерминацию ключевых признаков продуктивности и разработать новые, более эффективные методы отбора (Н.А. Худякова и др., 2022). Особое внимание уделяется идентификации генов и генетических вариаций, контролирующих удой, состав и технологические свойства молока, поскольку эти признаки напрямую определяют экономическую эффективность отрасли (О.Г. Лоретц, Е.В. Матушкина, 2014). Использование ДНК-маркеров в селекционных программах направлено на повышение точности оценки генетического потенциала животных именно по этим показателям (И.Ю. Долматова, Ф.Р. Валитов, 2015; М.М. Айбазов, Т.В. Мамонтова, 2016).

Наиболее известными примерами в молочном скотоводстве являются гены, кодирующие основные белки молока. Полиморфизмы в гене каппа-казеина были идентифицированы как маркеры, влияющие на сыродельческие свойства молока, и аллель В активно используется в селекции для улучшения выхода и качества сыра (Н.Ю. Сафина, Ю.Р. Юльметьева, Ш.К. Шакиров, 2018; О.М. Шевелева, М.А. Часовщикова, 2018; М.Н. Стрижко, 2021; В.А. Сарычев, А.И. Афанасьева, 2024). Ген бета-казеина (*CSN2*) привлек особое внимание в связи с аллельными вариантами А1 и А2, влияющими не только на технологические свойства, но и, предположительно, на усвояемость молока человеком, что сделало генотипирование по данному гену актуальным для формирования стад, производящих молоко

типа А2 (Т.А. Токарчук, И.С. Кожевникова, М.А. Кудрина, 2023; Е.А. Кулешова, Е.А. Москаленко, Н.В. Быченко, 2023; М.Н. Панков и др., 2024; Н.А. Худякова, И.С. Кожевникова, М.А. Кудрина, 2024).

В настоящее время научное сообщество и производители молочной продукции проявляют повышенный интерес к полиморфизму гена бета-казеина, что обусловлено дискуссиями о влиянии его аллельных вариантов на организм человека. Центральное место занимает гипотеза о том, что в процессе гидролиза β -казеина фракции А1 в желудочно-кишечном тракте высвобождается биоактивный пептид бета-казоморфин-7 (ВСМ-7), способный оказывать неблагоприятное системное воздействие. В противовес этому, вариант А2 позиционируется как физиологически безопасный и легкоусвояемый (Е.В. Парыгина и др., 2022; А.И. Голубков и др., 2023). Несмотря на то, что окончательная научная точка в этом вопросе еще не поставлена, потребительский спрос на А2-молоко демонстрирует устойчивый рост.

Однако значимость гена *CSN2* не ограничивается диетическими аспектами; он рассматривается и как генетический маркер продуктивности. Множество исследований подтверждают наличие корреляции между генотипами *CSN2* и ключевыми хозяйственными признаками: объемами лактации, концентрацией жира и белка, а также технологическими свойствами сырья, в том числе его пригодностью для сыроделия (Л.А. Калашникова и др., 2021; А.Г. Коцаев, Е.А. Гырнец, 2021; Л.А. Калашникова и др., 2022; М.А. Парамонова, 2023).

Значительный вклад в понимание генетики жирномолочности внесло открытие влияния гена диацилглицерол-О-ацилтрансферазы 1 (*DGAT1*). Полиморфизм К232А в этом гене оказывает существенное влияние на процент жира в молоке, а также на удой и содержание белка, и стал одним из наиболее изученных и используемых маркеров в селекции молочного скота (Р.Р. Шайдуллин, А.С. Ганиев, 2017; Л.Р. Загидуллин и др., 2020; А. Н. Михалюк, Л. А. Танана, О. А. Епишко, 2021). Другие гены, такие как *ABCG2* (член семейства АТФ-связывающих кассетных транспортеров) и *BLG* (бета-лактоглобулина), также были связаны с секрецией компонентов молока и вариациями его состава (Ж.А. Грибанова, О.П. Курак,

2012; Н.Ю. Сафина и др., 2018; F.A. Lali, K. Anilkumar, T.V. Aravindakshan, 2018; P.A. Singh и др., 2019).

Исследования генов, вовлеченных в гормональную регуляцию лактации, также были приоритетными. Например, полиморфизмы в гене рецептора гормона роста (*GHR*) ассоциированы с уровнем удоя и составом молока у различных пород (И.В. Лазебная и др., 2012; E. Tarasova, S. Notova, 2020). Сам ген гормона роста (*bGH*), как регулятор метаболизма и лактации, также является важным объектом исследований на предмет связи его полиморфизмов с молочной продуктивностью (С.Р. Хатами и др., 2005; И.В. Лазебная и др., 2011; А.В. Перчун и др., 2012).

Результаты научных работ свидетельствуют о том, что гормон роста (*bGH*) оказывает регулирующее воздействие на репродуктивную систему, реализуемое как через прямые, так и через опосредованные механизмы. Данный гормон вовлечен в ключевые физиологические процессы: фолликулогенез, созревание яйцеклеток, поддержание функциональной активности желтого тела и ранний эмбриогенез. В основе этих эффектов лежит способность гена *bGH* модулировать ответную реакцию яичников на гонадотропины, а также его участие в системе локальной паракринной и аутокринной регуляции (G. Arthur Donovan, L. Fred Bennett, S. Frederick Springer, 2003; B. Grimard и др., 2006; R.M. Rodney и др., 2016).

Ген гормона роста (*bGH*) считается перспективным маркером в животноводстве, так как его вариации могут определять уровень хозяйственно-полезных качеств у крупного рогатого скота (S. Zakizadeh и др., 2006; C. Dario и др., 2008; P. A. S. Silveira и др., 2019; В.М. Габидулин и др., 2019). Механизм этого влияния заключается в том, что полиморфизмы (преимущественно SNP) изменяют структуру гормона, его биологическую эффективность или уровень экспрессии самого гена, что в итоге сказывается на фенотипе (C. Dario и др., 2008; S. Amiri и др., 2018).

Многочисленные исследования подтверждают наличие корреляции между генотипами *bGH* и параметрами продуктивности, такими как молочная продуктивность, компоненты молока и темпы роста. При этом эффективность использования данного маркера может варьироваться в зависимости от конкретной поро-

ды, условий содержания и типа полиморфизма (К. Kovács и др., 2006; R.M. Demeter и др., 2010; M.P. Mullen и др., 2010).

В соответствии с директивами ФАО, внедрение эталонных микросателлитных маркеров (STR) в практику животноводства является ключевым элементом национальных стратегий по управлению генетическими ресурсами (А. Egito, 2007). Стандартизированная панель из 12 STR-локусов, рекомендованная сообществом ISAG, обеспечивает высочайшую точность верификации происхождения крупного рогатого скота (97,3–99,8%). Как отмечают J.P. Nani с соавт. (2019) и В. Luštrek с соавт. (2021), процедуры обнаружения ошибок и корректировки родословных позволяют значительно расширить объем достоверных генетических и фенотипических данных, доступных для селекции. Применительно к джерсейской породе ценность STR-маркеров для анализа генетической структуры и биоразнообразия подтверждена в недавних работах О. Opoola с соавт. (2023) и К. Srikanth с соавт. (2023).

Несмотря на то, что микросателлиты принято считать нейтральными участками генома, накоплен значительный массив данных, указывающих на их сцепление с локусами количественных признаков и наличие ассоциаций с хозяйственно-полезными качествами. В молочном скотоводстве выявлены конкретные маркеры продуктивности. Например, Т. Zabolewicz с соавт. (2011) при изучении голштинского скота установили, что носители гомозиготного аллеля 268 п.н. в локусе BM6438 демонстрируют максимальные удои (7001 кг), существенно превосходя животных с генотипами 256/258 и 258/268. Другими значимыми маркерами являются аллель 136 п.н. локуса BM1500, ассоциированный с высоким удоем, и его гомозиготный вариант 138 п.н., связанный с повышенной жирномолочностью (С. J. Fitzsimmons и др., 1998; F. A. Lali, K. A. Bindu, 2011).

В мясном скотоводстве также обнаружены важные закономерности. По данным G.Z. Yang с соавт. (2012), аллель 142 п.н. маркера BM2113 сопряжен с увеличенным выходом чистого мяса, а аллель 171 п.н. – с толщиной филея. У помесных животных (ангус × брахман) аллельный вариант 220/222 локуса ETH10 коррелирует с высокой убойной массой и мраморностью мяса (J.J. Kim и др.,

2003). А. Kramarenko и S. Kramarenko (2020) на примере южной мясной породы показали, что маркерами интенсивного роста молодняка до отъема служат аллели 83 п.н. (TGLA227) и 258 п.н. (BM1818), тогда как аллель 141 п.н. (BM2113) ассоциирован с замедленным развитием ремонтных телок.

Кроме того, микросателлиты маркируют особенности экстерьера. Так, С. Schrooten с соавт. (2000) выявили пиковую связь локуса BM2113 с шириной груди. В работе F. Napolitano с соавт. (1996) показано, что гомозиготность по аллелю 205 п.н. в локусе IDVGA46 детерминирует лучшее развитие скелета, мускулатуры и общую крупность животных.

В заключение, молекулярно-генетические маркеры стали неотъемлемой частью селекции крупного рогатого скота молочного направления. От идентификации генов с большим эффектом до полномасштабной геномной селекции, основанной на SNP-маркерах, эти инструменты позволяют целенаправленно улучшать генетический потенциал животных по удою и качеству молока. Исследование ассоциаций полиморфизмов в генах, таких как *bGH* и *CSN2*, с показателями молочной продуктивности у конкретных пород, включая джерсейскую, продолжает оставаться актуальным для верификации эффектов генов в различных популяциях и потенциального использования этой информации в программах MAS или для уточнения моделей геномной оценки.

2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ

2.1. Характеристика объекта, места и условий проведения исследований

Экспериментальные исследования выполнялись на базе племенного репродуктора по разведению крупного рогатого скота джерсейской породы ООО «Агроальянс Инвест», расположенного в Александровском районе Ставропольского края, в период 2022-2025 гг.

Александровский район, расположенный в центральной части Ставропольского края, характеризуется разнообразием природных условий, обусловленным его географическим положением на стыке степной и лесостепной зон.

Климат Александровского района относится к умеренно-континентальному типу, для которого характерно жаркое, продолжительное лето и относительно мягкая, но изменчивая зима. Средняя температура самого теплого месяца, июля, колеблется в пределах $+22...+24^{\circ}\text{C}$, при этом абсолютные максимумы температур могут достигать $+40^{\circ}\text{C}$ и выше. Летом преобладает ясная, сухая погода, часто наблюдаются суховеи – горячие сухие ветры, вызывающие интенсивное испарение и иссушение почвы. Средняя температура января составляет $-4...-6^{\circ}\text{C}$, но абсолютные минимумы могут опускаться до -35°C . Зимы, как правило, малоснежные, с неустойчивым снежным покровом, частыми оттепелями и гололедицей. Среднегодовая температура воздуха составляет $+9...+10^{\circ}\text{C}$. Безморозный период длится 180-190 дней, а вегетационный период, благоприятный для роста и развития большинства сельскохозяйственных культур, – 200-220 дней.

Количество осадков, выпадающих на территории района, варьирует от 400 до 550 мм в год, что характеризует его как зону недостаточного увлажнения. Распределение осадков в течение года неравномерное: большая их часть приходится на весенне-летний период (май-июль) в виде ливней, нередко сопровождающихся грозами и градом. Зимой осадков выпадает мало, снежный покров, как правило, невысокий (10-15 см) и неустойчивый. Одной из характерных особенностей климата являются засухи, повторяемость которых составляет 2-3 года из 10. Засухи, в

сочетании с суховеями и пыльными бурями, могут наносить значительный ущерб сельскому хозяйству.

Рельеф Александровского района определяется его расположением на Ставропольской возвышенности. Преобладающий тип рельефа – пологоволнистая равнина, расчлененная сетью балок и оврагов. Абсолютные отметки высот колеблются от 200 до 500 метров над уровнем моря. Общий уклон поверхности направлен с юго-запада на северо-восток. Речные долины, в основном, неширокие и неглубокие.

Почвенный покров района представлен преимущественно черноземами обыкновенными и южными, а также каштановыми почвами. Черноземы занимают более возвышенные участки и отличаются высоким естественным плодородием, хорошей структурой, обеспечивающей оптимальный водно-воздушный режим. Каштановые почвы распространены на более низких элементах рельефа, имеют более легкий механический состав и меньшее содержание гумуса, что делает их менее плодородными и более подверженными эрозионным процессам. В понижениях рельефа, в условиях близкого залегания грунтовых вод, встречаются солонцы и солончаки, характеризующиеся высоким содержанием солей и неблагоприятными для большинства растений свойствами.

Гидрографическая сеть Александровского района развита недостаточно. Основные реки – Томузловка, Мокрая Сабля, Сухая Сабля – относятся к бассейну реки Кумы. Все они маловодны, имеют непостоянный сток и летом часто пересыхают. Грунтовые воды залегают на разной глубине, в зависимости от рельефа и геологического строения, и также используются для водоснабжения.

Основа рациона силос, сенаж, ячмень, кукуруза соевый шрот, рапсовый шрот. Среднее содержание сухого вещества (СВ) 22,61 кг, обменной энергии 272,5 МДж, сырого протеина 4047,73 г, сырой клетчатки 3618,08 г, кальция 195,36 г и фосфора 110,8 г, что соответствовало нормам кормления.

Численность фуражного поголовья на конец 2024 года составила 1921 голова из них дойного 1642 головы. Средний надой на 1 корову составил 24,5 кг.

Объектом для проведения научных исследований были животные джерсейской породы ООО «Агроальянс Инвест», представленные двумя независимыми группами:

1. Группа животных для ассоциативных исследований ($n=361$). Для установления связи полиморфизмов генов *bGH* и *CASB* с фенотипическими признаками была сформирована группа из 361 ремонтной телки.

2. Группа животных для популяционно-генетического анализа ($n=2382$). Для оценки генетического разнообразия, структуры популяции и выявления ассоциаций хозяйственно-полезных признаков с микросателлитными маркерами. Для анализа ассоциаций STR-маркеров с ростовыми показателями была использована выборка из 1517 голов, по которым имелись полные данные о взвешиваниях. Для анализа молочной продуктивности была сформирована выборка из 885 коров-первотелок, завершивших первую лактацию.

Выборка для оценки метаболического статуса. Из общего массива данных были отобраны показатели по 76 коровам, входящим в основную группу генотипирования ($n=361$), по которым имелись актуальные результаты анализа крови. Материал отбирался в рамках планового ветеринарно-профилактического мониторинга стада (проводится 2 раза в год). Для контроля репрезентативности выборки и сравнения с общим фоном стада была сформирована контрольная группа из 350 коров-аналогов, не участвующих в генетических исследованиях, содержащихся в идентичных условиях кормления и содержания.

Все животные были клинически здоровы. Условия содержания соответствовали зоотехническим нормам и зоогигиеническим требованиям к животноводческим помещениям.

Общие направления исследований представлены на рисунке 6.



Рисунок 6 – Общая схема исследования

2.2. Методики проведения исследований

2.2.1. Формирование выборки и комплексная оценка хозяйственно-полезных признаков

Оценка роста и развития

Динамику живой массы животных устанавливали по результатам индивидуального взвешивания (Весы Gallagher TW-1) молодняка в следующие возрастные периоды: при рождении, 6, 10 и 12 месяцев, на основании полученных данных рассчитывали абсолютный и среднесуточный приросты в соответствии с ГОСТ Р 57878-2017 «Животные племенные сельскохозяйственные. Методы определения параметров продуктивности крупного рогатого скота, молочного и комбинированного направлений».

Оценка экстерьера и типа телосложения

Особенности телосложения коров-первотелок оценивали на втором-третьем месяце лактации путем взятия 13 линейных промеров (высота в холке, высота в крестце, глубина груди, ширина груди за лопатками, боковая длина зада, ширина зада в маклоках, обхват груди за лопатками, обхват пясти, косая длина туловища, полуобхват зада, длина головы, длина лба, ширина лба) с использованием мерной ленты, циркуля Вилькенса и мерной палки Лидтина.

На основании полученных данных были рассчитаны 7 индексов телосложения по общепринятым формулам:

$$\text{Индекс длинноногости} = \frac{\text{высота в холке} - \text{глубина груди}}{\text{высота в холке}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс растянутости} = \frac{\text{высота в холке} - \text{глубина груди}}{\text{высота в холке}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс тазогрудной} = \frac{\text{ширина груди за лопатками}}{\text{ширина зада в маклоках}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс грудной} = \frac{\text{ширина груди за лопатками}}{\text{глубина груди}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс сбитости} = \frac{\text{обхват груди за лопатками}}{\text{косая длина туловища}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс перерослости} = \frac{\text{высота в крестце}}{\text{высота в холке}} \times 100, \%$$

$$\text{Индекс костистости} = \frac{\text{обхват пясти}}{\text{высота в холке}} \times 100, \%$$

Для определения типа телосложения (лептосомный, мезосомный, эйрисомный) использовали метод распределения Гаусса (ГОСТ Р ИСО 3534-1-2019 "Статистические методы. Словарь и условные обозначения. Часть 1. Общие статистические термины и термины, используемые в теории вероятностей") по показателю обхвата груди за лопатками, где животные были распределены по типам телосложения следующим образом: интервал между $\pm 1 \sigma$ (мезосомный тип), интервал от -1σ до ∞ (лептосомный тип), интервал от $+1 \sigma$ до ∞ (эйрисомный тип).

Учет репродуктивной функции

Данные о возрасте и живой массе при первом плодотворном осеменении, а также о кратности осеменений были получены из документации селекционно-племенного учета племенного репродуктора.

Контроль молочной продуктивности и качественного состава молока

Отбор проб молока-сырья проводился индивидуально от каждой коровы во время ежемесячных контрольных доений комиссионно при моем непосредственном участии со специалистами племенного репродуктора совместно с Ассистентской службой ФГБОУ ВО Ставропольский ГАУ (Свидетельство о регистрации в государственном племенном регистре №010821, Серия ПЖ 77) в соответствии с ГОСТ Р ИСО 707-2010 "Молоко и молочные продукты. Руководство по отбору проб" и Рекомендацией Коллегии ЕЭК от 21 ноября 2023 г. № 34 "Об унифицированных подходах к учету молочной продуктивности и проведению лабораторного контроля качества молока крупного рогатого скота молочного направления продуктивности".

Исследование молока-сырья проводили в Лаборатории селекционного контроля качества молока ФГБОУ ВО Ставропольский ГАУ (Свидетельство о регистрации в государственном племенном регистре, серия ПЖ 77 №011667; уникальный номер аккредитации в реестре аккредитованных лиц №РОСС RU.0001.21 ПЦ12 согласно ГОСТ ИСО/МЭК 17025-2019 по определению показателей каче-

ства и безопасности пищевой продукции, продовольственного сырья, контролю качества молочного сырья). Качественные показатели (массовая доля жира, массовая доля белка, лактоза, СОМО, казеин, ацетон, бета-гидроксипутират (БГБ), жирные кислоты определяли методом инфракрасной спектроскопии на анализаторе молока CombiFoss 7 DS (FOSS, Дания).

Расчет удоя и выхода молочных компонентов

Данные по удою за 305 дней лактации получали из системы управления стадом. Выход молочного жира и белка (кг) рассчитывали по общепринятым формулам на основании данных о валовом надое и среднем содержании компонентов, в соответствии с ГОСТ Р 57878-2017.

2.2.2. Биохимический анализ сыворотки крови

Биохимические исследования проводились в Управлении ветеринарии Ставропольского края ГБУ Ставропольского края «Ставропольская краевая ветеринарная лаборатория» (белок общий, кальций, каротин, фосфор) (методические указания по применению унифицированных биохимических методов исследований крови, мочи и молока в ветеринарных лабораториях. Утверждено ГУВ МСХ СССР от 29.06.1981 г.), глюкоза (методика по применению набора «Глюкоза ФКД»), кетоновые тела («Методы ветеринарной клинической лабораторной диагностики». Справочник под редакцией И.П. Кондрахина, Москва, «КолосС», 2004) с использованием приборов: рефрактометр ИРФ-454 Б.2М (ОАО «КОМЗ», Россия), спектрофотометр ПЭ-5400УФ (ООО «Экротхим», Россия).

Формирование групп для анализа осуществлялось методом ретроспективной выборки на основе данных плановой диспансеризации стада. Анализировались показатели животных из основной экспериментальной группы (n=76) в сопоставлении со средними показателями по стаду (n=350) для подтверждения их физиологического здоровья и отсутствия клинических форм нарушения обмена веществ.

2.2.3. Молекулярно-генетические исследования

Молекулярно-генетические исследования выполнялись в Лаборатории молекулярно-генетической экспертизы ФГБОУ ВО Ставропольский ГАУ (Свидетельство о регистрации в государственном племенном регистре, серия ПЖ 77; № 010649).

Отбор проб и выделение ДНК

Биологическим материалом служили образцы венозной крови, отобранные из яремной вены в вакуумные пробирки (объем 5 мл) с антикоагулянтом КЗ-ЭДТА с соблюдением ветеринарно-санитарных норм. Каждая пробирка была пронумерована в соответствии с индивидуальным номером животного. Выделение геномной ДНК из отобранных проб проводили с использованием коммерческого набора реагентов «М-Сорб-Кровь» (ООО «НПФ Синтол», Россия) согласно инструкции производителя, на станции автоматического выделения и очистки нуклеиновых кислот Auto-Pure 96 (AllSneng, Китай)

Генотипирование

Генотипирование по генам гормона роста (*bGH*) и бета-казеина (*CSN2*) проводили методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ) на амплификаторе «Rotor-Gene Q» (QIAGEN, Германия). Для исследований использовали коммерческие наборы реагентов производства ООО «НПФ Синтол» (Россия): «Набор реагентов для определения полиморфизма Leu127Val (C/G) гена *bGH* крупного рогатого скота» и «Набор реагентов для определения полиморфизма Pro67His гена бета-казеина *CASB* у крупного рогатого скота (определение типа молока A1/A2)».

При анализе полиморфизма Leu127Val гена *bGH* идентифицировали аллели С и G. На основании полученных данных в исследуемой выборке были установлены три генотипа: C/C, C/G и G/G.

В настоящей работе для обозначения гена бета-казеина используется аббревиатура *CASB*, соответствующая номенклатуре производителя используемых тест-систем.

Анализ полиморфизма Pro67His в гене бета-казеина был направлен на идентификацию аллельных вариантов, отвечающих за синтез белковых форм A1 и A2. В соответствии с протоколом исследования и номенклатурой набора, для данного локуса приняты следующие обозначения: аллель, детектируемый как C, соответствует функциональному варианту A2, а аллель A – варианту A1. Таким образом, были идентифицированы три возможных генотипа: C/C (соответствующий типу A2A2), C/A (A2A1) и A/A (A1A1).

Аmplification проводили в объеме 20 мкл реакционной смеси согласно протоколам производителя (таблица 1).

Таблица 1 – Условия проведения ПЦР-РВ для генов *bGH*, *CASB*.

Шаг	Т °С	Время	Детекция	Повторов
Удержание	94	3 мин.	Без детекции	1
Цикл 1	94	20 сек.	Без детекции	10
	58	20 сек.	Без детекции	
	61	30 сек.	Без детекции	
Цикл 2	94	20 сек.	Без детекции	30
	58	20 сек.	Без детекции	
	61	30 сек.	Детекция по каналам Yellow, Green	

Анализ микросателлитных (STR) локусов

Для оценки генетического разнообразия и структуры популяции проводили генотипирование по 16 STR-локусам (TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, HAUT27, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023, ILSTS006) с использованием набора «Gene Profile Cattle» (ООО «НПФ Синтол», Россия), согласно инструкции производителя. Фрагментный анализ продуктов ПЦР выполняли на генетическом анализаторе «Нанофор 05» (ООО «НПФ Синтол», Россия). Идентификацию аллелей проводили с помощью программного обеспечения «GeneMarker» (SoftGenetics, LLC, США).

Полученные генотипы были сформированы в общую матрицу данных для последующей статистической обработки.

2.2.4. Методы статистической обработки и биоинформационного анализа данных

Статистический анализ результатов исследований для оценки индивидуального и комплексного влияния полиморфизмов генов *bGH* и *CASB* осуществляли в соответствии с общепринятыми методиками биометрии, предложенными Н.А. Плохинским (1970) и Е.К. Меркурьевой (1970), с использованием пакетов программ STATISTICA 10 (StatSoft Inc., США), Microsoft Excel. При анализе гена *CASB*, ввиду малой численности, группа с генотипом A/A ($n = 2$) была исключена из статистического сравнения. На основании вычисления средних величин и их ошибки, числовые показатели учитывали методом критерия Стьюдента со следующим уровнем значимости: * – $p < 0,05$; ** – $p < 0,01$; *** – $p < 0,001$.

Для анализа ассоциаций STR-локусов с хозяйственно-полезными признаками (ростовые показатели, молочная продуктивность) применяли однофакторный дисперсионный анализ (One-Way ANOVA). В случае выявления достоверного влияния фактора (генотипа/аллеля), для попарных сравнений средних значений использовали апостериорный критерий Тьюки (Tukey's HSD), позволяющий нивелировать эффект множественных сравнений. Статистически значимыми считали различия при $p < 0,05$.

Популяционно-генетический анализ проводили с использованием специализированного программного обеспечения GenAlEx v.6.5 (Peakall R., Smouse P.E., 2012). На основании первичных данных генотипирования рассчитывали следующие параметры генетического разнообразия:

- частоты аллелей и генотипов (прямым подсчетом);
- наблюдаемое (N_a) и эффективное (N_e) число аллелей;
- наблюдаемую (H_o) и ожидаемую (H_e) гетерозиготность;
- индекс фиксации (F_{is}) для оценки внутривидового инбридинга;
- информационную полиморфность маркеров (PIC).

Проверку соответствия наблюдаемого распределения генотипов теоретически ожидаемому при равновесии Харди-Вайнберга (РХВ) осуществляли с помощью критерия хи-квадрат (χ^2).

Расчет экономической эффективности

Расчет основывался на сопоставлении доходов от реализации продукции и затрат на ее производство для каждой генотипической группы. Для оценки использовались следующие критерии: выручка от реализации молока, производственные затраты, прибыль и уровень рентабельности. Расчеты проводились на основе зоотехнических данных о продуктивности животных, полученных в ходе исследования, и фактических экономических нормативов, предоставленных бухгалтерией ООО «Агроальянс Инвест» (реализационные цены на молоко с учетом его качественного состава, суточные затраты на содержание). Поскольку все животные находились в идентичных условиях кормления и содержания, производственные затраты на 1 голову за лактацию принимались одинаковыми для всех исследуемых групп.

3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В данном разделе изложены расширенные и полные результаты научных исследований, часть из которых ранее публиковались в научных работах: С.А. Олейник, А.В. Лесняк (2023, 2025а, 2025б, 2025в, 2025г, 2026), А.В. Лесняк (2023а, 2023б, 2023в, 2024), С.А. Олейник, Н.З. Злыднев, А.В. Лесняк (2024), S.A. Oleinik, A.V. Lesnyak (2024).

3.1. Оценка генетического разнообразия и структуры популяции по генам *bGH* и *CASB*

Для оценки генетической структуры исследуемой популяции коров джерсейской породы ($n = 361$) был проведен анализ полиморфизма р.Leu127Val (rs41923484) гена гормона роста (*bGH*) и полиморфизма р.Pro67His (rs43703011) гена бета-казеина (*CASB*), ассоциированных с хозяйственно полезными признаками. В соответствии с выявленными однонуклеотидными заменами, в гене *bGH* нами принято следующее буквенное обозначение аллелей: аллель С (генотип С/С), аллель G (генотип G/G). В гене *CASB* принято следующее буквенное обозначение аллелей: аллель С (генотип С/С), аллель А (генотип А/А).

Оценка включала определение аллельного и генотипического состава, проверку соответствия наблюдаемого распределения генотипов равновесию Харди-Вайнберга (РХВ) с помощью критерия χ^2 и расчет основных показателей генетического разнообразия: наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, индекса фиксации (F_{is}), степени гомозиготности (C_a), уровня полиморфности (N_a) и информационного полиморфизма (PIC).

В гене гормона роста было установлено преобладание аллеля G, частота которого составила 0,59, тогда как частота аллеля С равна была 0,41. В популяции были идентифицированы все три возможных генотипа: С/С (19,9%, $n = 72$), С/G (42,9%, $n = 155$) и G/G (37,2%, $n = 134$).

В гене бета-казеина преобладает аллель С с частотой 0,61, в то время как частота аллеля А составила 0,39. Распределение генотипов было следующим: А/А – 2 особи (0,6%), С/А – 278 особей (77,0%) и С/С – 81 особь (22,4%).

На основе этих частот были рассчитаны показатели ожидаемой гетерозиготности (H_e), которые отражают теоретический уровень разнообразия в идеальной, случайно скрещивающейся популяции. Для генов *bGH* и *CASB* они оказались очень близки (0,48 и 0,47 соответственно), что свидетельствует о сопоставимом потенциале генетической изменчивости по этим локусам (таблица 2).

Таблица 2 – Показатели генетической структуры популяции коров джерсейской породы по генам *bGH* и *CASB* (n=361)

Показатель	Ген <i>bGH</i>	Ген <i>CASB</i>
Наблюдаемая гетерозиготность (H_o)	0,42	0,76
Ожидаемая гетерозиготность (H_e)	0,48	0,47
Индекс фиксации (F_{is})	+0,11	-0,61
Степень гомозиготности (C_a), %	51,62	52,42
Уровень полиморфности (N_a)	1,94	1,91
Информационный полиморфизм (PIC)	0,48	0,47
Критерий хи-квадрат (χ^2)	4,79*	137,77***

Примечание: * $p < 0,05$; *** $p < 0,001$

Значимость данных генов как генетических маркеров подтверждается показателем информационного полиморфизма (PIC). Для генов *bGH* и *CASB* его значения составили 0,48 и 0,47 соответственно. Согласно общепринятой классификации, маркеры со значением PIC в диапазоне от 0,25 до 0,5 считаются среднеинформативными. Это означает, что оба гена обладают достаточным уровнем полиморфизма для их успешного использования в популяционно-генетических и ассоциативных исследованиях, поскольку их изменчивость позволяет выявлять статистически значимые связи с фенотипическими признаками.

Ключевые различия между генами проявились при сравнении теоретически ожидаемой (H_e) и фактически наблюдаемой (H_o) гетерозиготности. Для гена *bGH* был установлен статистически значимый ($\chi^2 = 4,79$; $p < 0,05$) дефицит гетерозигот ($H_o = 0,42$ против $H_e = 0,48$), подтвержденный положительным индексом фиксации ($F_{is} = +0,11$). Такое отклонение от равновесия Харди-Вайнберга является прямым свидетельством наличия в популяции определенной генетической структуры, сформированной под влиянием селекционно-племенной работы. Наиболее вероятными причинами наблюдаемого дефицита гетерозигот в условиях племенного хозяйства являются ведение отдельных генетических линий (эффект Валун-

да) и применение линейного разведения. Таким образом, можно заключить, что генетическая структура по гену *bGH*, в отличие от *CASB*, не является объектом прямой селекции на конкретный генотип, а служит генетическим результатом общей стратегии управления стадом, направленной на закрепление желательных качеств через работу с линиями.

Прямо противоположная картина наблюдается для гена *CASB*. Фактическая доля гетерозигот ($H_o = 0,77$) значительно превысила теоретически ожидаемую ($H_e = 0,47$), что свидетельствует о высоком избытке гетерозиготных животных. Это отражено также в отрицательном значении индекса фиксации $F_{is} = -0,61$. Столь выраженное ($\chi^2 = 137,77$; $p < 0,001$) отклонение от равновесия Харди-Вайнберга практически исключает случайные процессы и свидетельствует о выраженном влиянии направленного отбора и селекционных процессов в популяции. Выявленный избыток гетерозигот и преобладание генотипов *C/A* и *C/C* гена бета-казеина обусловлены искусственным отбором в хозяйстве. Применяемая стратегия осеменения базируется на использовании семени 23 быков, среди которых доминируют носители генотипа *C/C* (65,2%), тогда как доля *C/A* составляет 8,7% (при 26,1% быков с неустановленным генотипом) (С.А. Олейник, А.В. Лесняк, 2025). Это закономерно привело к резкому сокращению числа гомозигот *A/A* (до 2 голов в выборке) и росту численности гетерозиготного поголовья.

Результаты, полученные для исследуемой популяции, в целом согласуются с данными по другим популяциям джерсейской породы, хотя и демонстрируют локальную специфику. Так, в исследовании J.L. Zepeda-Batista с соавт. (2015) на 453 коровах джерсейской породы в Мексике, также было установлено доминирование аллеля *C* гена бета-казеина, но с более высокой частотой (0,71 против 0,61 в нашей выборке), что также указывает на глобальный тренд селекции по данному маркеру. Интересно, что в том же исследовании частота аллеля *B* гена каппа-казеина составила 0,69, что подтверждает общую направленность селекции джерсейской породы на улучшение технологических свойств молока, важных для сыроделия. Эти результаты полностью согласуются с выводами F. Gustavsson с соавт. (2014), которые показали, что селекция на улучшение сыродельческих

свойств за последние десятилетия значительно изменила частоты вариантов казеиновых генов у скандинавских молочных пород. В их работе было показано, что частота встречаемости технологически менее желательного генотипа $BB/A^2A^2/AA$ у датских голштинов выросла с 9% до 30%. В нашем исследовании мы наблюдаем аналогичный процесс, обусловленный современным трендом на производство А2-молока и активным использованием в хозяйстве семени быков-производителей с генотипом C/C .

При сопоставлении полученных результатов с данными литературы наблюдается выраженная вариабельность аллельного состава *CASB* у разных пород. Высокая частота аллели C свойственна не только исследуемой выборке, но и холмогорской породе (0,62), согласно Л.А. Калашниковой и др. (2021), а также ярославскому скоту (Н.А. Худякова и др., 2023). Рекордные показатели по аллели C (до 0,92 в зарубежной и 0,69–0,71 в отечественной селекции) выявлены у бурой швицкой породы (Л.А. Калашникова и др., 2022). Напротив, у голштинов ситуация иная, часто фиксируется преимущество аллели A (М.А. Парамонова, 2023). Причиной такой дифференциации частот выступают как случайные генетические процессы (дрейф), так и особенности происхождения и селекционного давления в конкретных популяциях.

Сравнение генетической структуры по гену *bGH* также выявляет породные особенности. Частота аллели Leu (в нашей работе – C) у исследованной джерсейской породы (0,41) заметно ниже, чем у голштинской породы, где, по данным С. Dario с соавт. (2008), она может достигать 0,91–0,93. Это подтверждает, что полиморфизм Leu/Val (в нашей работе – C/G) является важным маркером, дифференцирующим молочные породы.

Обсуждая полиморфизм гена *bGH*, важно отметить, что наблюдаемый дефицит гетерозигот и отклонение от равновесия Харди-Вайнберга могут быть следствием сложного множественного (плейотропного) действия этого гена. Как показали М. Р. Mullen с соавт. (2010), полиморфизмы в гене гормона роста ассоциированы с широким спектром признаков, включая не только рост, но и состав молока, количество соматических клеток. Это делает направленную селекцию по

данному гену сложной задачей, поскольку отбор по одному признаку может вызвать нежелательные изменения в другом.

Таким образом, детальный анализ генетической структуры популяции показал, что она формируется под действием разнонаправленных сил. Если полиморфизм гена *bGH* отражает, вероятно, общие популяционные процессы, то структура по гену *CASB* является ярким примером влияния интенсивной целенаправленной селекции на производство молока с заданными свойствами.

Выявленная генетическая вариабельность по обоим локусам создает необходимую научную основу для последующего анализа их ассоциаций с хозяйственно-полезными признаками.

3.2. Ассоциация полиморфизма в генах *bGH* и *CASB* с показателями роста и развития молодняка

3.2.1. Динамика живой массы и приростов ремонтных телок в зависимости от генотипа

Для оценки влияния полиморфизмов в генах гормона роста (*bGH*) и бета-казеина (*CASB*) на рост и развитие молодняка джерсейской породы был проведен анализ динамики живой массы, среднесуточных и абсолютных приростов в ключевые периоды: при рождении, в 6 месяцев, в 10 и 12 месяцев (возрастные точки, характеризующие готовность к осеменению и завершение интенсивного роста).

Анализ влияния полиморфизма гена гормона роста (*bGH*) на динамику живой массы телок представлен в таблице 3.

Таблица 3 – Динамика живой массы молодняка в зависимости от генотипа гена *bGH* ($M \pm m$, кг)

Генотип	n	Живая масса			
		При рождении	6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
C/C	72	24,09 ± 0,34	162,48 ± 1,56	256,26 ± 2,23	299,04 ± 2,20
C/G	155	23,75 ± 0,22	162,99 ± 0,98	255,18 ± 1,51	298,92 ± 1,73
G/G	134	23,66 ± 0,21	164,13 ± 0,96	259,11 ± 1,48	302,38 ± 1,83

При анализе влияния полиморфизма гена *bGH* на динамику живой массы молодняка не было установлено различий между генотипами ни в одном из ис-

следуемых возрастных периодов ($p > 0,05$). Хотя в возрасте 10 и 12 месяцев наблюдалась численная тенденция к увеличению живой массы у животных с генотипом G/G, высокая индивидуальная изменчивость внутри групп не позволила подтвердить эту тенденцию статистически. Следовательно, в условиях данного исследования прямого влияния полиморфизма гена *bGH* на живую массу не обнаружено.

Анализ итоговой живой массы не выявил статистически достоверных различий между генотипами, в следствие чего, был изучен абсолютный прирост. Данный показатель отражает количество набранной массы за определенный период и позволяет выявить возрастные окна, в которые влияние исследуемого гена может проявляться сильнее (таблица 4).

Таблица 4 – Абсолютный прирост живой массы молодняка в зависимости от генотипа гена *bGH* ($M \pm m$, кг)

Генотип	n	Абсолютный прирост по возрастным периодам		
		0-6 месяцев	6-10 месяцев	10-12 месяцев
C/C	72	138,39 ± 1,50	93,78 ± 1,64	42,78 ± 1,28
C/G	155	139,24 ± 0,95	92,19 ± 0,94	43,74 ± 0,89
G/G	134	140,47 ± 0,93	94,98 ± 1,00* ¹	43,27 ± 1,01

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ G/G в сравнении с C/G.

Наиболее выраженное влияние генотипа проявилось в период роста с 6 до 10 месяцев. Животные с генотипом G/G показали самый высокий абсолютный прирост, который составил 94,98 кг. Это на 2,79 кг, или на 3,0% больше ($p < 0,05$), чем у гетерозиготных сверстниц C/G, которые имели наименьший прирост за этот период (92,19 кг). Животные с генотипом C/C с результатом 93,78 кг заняли промежуточное положение, имея прирост на 1,59 кг (на 1,7%) больше, чем у гетерозигот C/G, но на 1,2 кг (на 1,3%) меньше, чем у гомозигот G/G.

Анализ среднесуточных приростов подтвердил выводы, сделанные на основе абсолютного прироста, и уточнил наблюдаемую динамику интенсивности роста (таблица 5). В периоды с 0 до 6 и с 10 до 12 месяцев статистически значимых различий в энергии роста между животными разных генотипов выявлено не было.

Таблица 5 – Среднесуточный прирост молодняка в зависимости от генотипа гена *bGH* ($M \pm m$, г)

Генотип	n	Среднесуточный прирост по возрастным периодам		
		0-6 месяцев	6-10 месяцев	10-12 месяцев
C/C	72	768,82 ± 8,32	781,48 ± 13,64	712,96 ± 21,36
C/G	155	773,54 ± 5,27	768,22 ± 7,84	729,03 ± 14,88
G/G	134	780,38 ± 5,16	791,48 ± 8,30* ¹	721,14 ± 16,80

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ G/G в сравнении с C/G.

Влияние генотипа проявилось в возрастной промежуток с 6 до 10 месяцев. Животные, гомозиготные по аллелю G (генотип G/G), характеризовались самым высоким среднесуточным приростом, который составил 791,48 г. Это на 23,26 г, или на 3,0% больше ($p < 0,05$), чем у гетерозиготных сверстниц C/G, показавших наименьшую интенсивность роста за данный период (768,22 г). Животные с генотипом C/C с результатом 781,48 г/сутки занимали промежуточное положение и по интенсивности роста, что на 13,26 г (на 1,7%) выше, чем группа C/G, но на 10 г (на 1,3%) ниже, чем группа G/G.

После анализа влияния гена *bGH* была проведена оценка ассоциаций полиморфизма в гене бета-казеина с ростовыми показателями. Этот анализ позволяет определить, оказывает ли ген, в первую очередь отвечающий за белковый состав молока, какое-либо плейотропное действие на динамику набора живой массы на разных этапах онтогенеза (таблица 6).

Таблица 6 – Динамика живой массы молодняка в зависимости от генотипа гена *CASB* ($M \pm m$, кг)

Ген	Генотип	n	Живая масса			
			При рождении	6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
<i>CASB</i>	A/A ¹	2	27,50 ± 3,50	168,00 ± 0,01	262,50 ± 5,50	304,50 ± 11,50
	C/A	278	23,92 ± 0,16	163,47 ± 0,72	256,33 ± 1,12	300,10 ± 1,25
	C/C	81	23,23 ± 0,27	162,66 ± 1,32	258,49 ± 1,88	300,56 ± 2,38

Примечание: ¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно.

Анализ ассоциации полиморфизма гена *CASB* с динамикой живой массы не выявил значительное различие в живой массе. Таким образом, в условиях данного исследования не было выявлено устойчивого и хозяйственно-значимого влияния полиморфизма гена *CASB* на динамику живой массы молодняка.

Для уточнения характера роста животных с разными генотипами по гену *CASB* был проведен анализ абсолютного прироста живой массы. Этот показатель позволяет оценить, были ли различия в интенсивности набора массы на разных этапах выращивания, что могло бы объяснить выравнивание итоговой живой массы (таблица 7).

Таблица 7 – Абсолютный прирост живой массы молодняка в зависимости от генотипа гена *CASB* ($M \pm m$, кг)

Ген	Генотип	n	Абсолютный прирост по возрастным периодам		
			0-6	6-10	10-12
<i>CASB</i>	A/A ¹	2	140,50 ± 3,50	94,50 ± 5,50	42,00 ± 6,00
	C/A	278	139,55 ± 0,70	92,86 ± 0,77	43,77 ± 0,66
	C/C	81	139,43 ± 1,29	95,83 ± 1,05* ²	42,07 ± 1,33

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно; ² C/C в сравнении с C/A.

В начальный период выращивания, от рождения до 6 месяцев, не было выявлено статистически значимых различий в абсолютном приросте между гетерозиготной группой C/A и гомозиготной C/C. Животные из этих групп набирали в среднем около 139,5 кг, что свидетельствует о схожей интенсивности роста в молочный период.

В возрастной период с 6 до 10 месяцев животные с гомозиготным генотипом C/C имели абсолютный прирост на 2,97 кг, или на 3,2% больше ($p < 0,05$), чем сверстницы с гетерозиготным генотипом C/A. Выявленная статистическая ассоциация, вероятно, носит косвенный характер или обусловлена сцеплением гена *CASB* с локусами количественных признаков (QTL), регулируемыми ростовые процессы в данный возрастной период.

В заключительный период с 10 до 12 месяцев, ранее наблюдавшиеся различия вновь сгладились, и статистически значимой разницы в абсолютном приросте между группами зафиксировано не было. Это подтверждает, что влияние полиморфизма гена *CASB* на ростовые показатели носит период-специфический характер, проявляясь в период развития с 6 до 10 месяцев.

Анализ интенсивности роста показал, что в период с 6 до 10 месяцев проявился эффект, противоположный тому, что наблюдался при рождении (таблица 8).

Таблица 8 – Среднесуточный прирост молодняка в зависимости от генотипа гена *CASB* ($M \pm m$, г)

Ген	Генотип	n	Среднесуточный прирост по возрастным периодам		
			0-6	6-10	10-12
<i>CASB</i>	A/A ¹	2	780,55 ± 19,44	787,50 ± 45,83	700,00 ± 100,00
	C/A	278	775,25 ± 3,89	773,89 ± 6,39	729,37 ± 11,04
	C/C	81	774,62 ± 7,16	798,55 ± 8,73* ²	701,23 ± 22,21

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно; ² C/C в сравнении с C/A.

Анализ интенсивности роста, выраженной через среднесуточные приросты, подтвердил выводы, сделанные на основе абсолютного прироста (таблица 7). В периоды с 0 до 6 и с 10 до 12 месяцев статистически значимых различий в энергии роста между животными с генотипами C/A и C/C не выявлено.

Статистически достоверное различие проявилось в возрастной промежуток с 6 до 10 месяцев. Животные с гомозиготным генотипом C/C характеризовались среднесуточным приростом на 24,66 г, или на 3,2% больше ($p < 0,05$), чем сверстницы с гетерозиготным генотипом C/A.

Поскольку хозяйственно-полезные признаки часто являются результатом сложных взаимодействий между генами, а не только действия отдельных локусов, был проведен анализ влияния комплексных генотипов. Этот подход позволил оценить, зависит ли эффект одного гена от генотипа по другому гену, и выявить наиболее благоприятные для ростовых процессов комбинации аллелей *bGH* и *CASB* (таблица 9).

При анализе живой массы при рождении не было установлено достоверных различий между животными разных генотипов. Средние значения живой массы в группах находились в пределах 23,10 – 24,25 кг.

К 6 месяцам наиболее высокой живой массой характеризовались животные с комплексным генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/C}*, средний показатель которых составил 170,90 кг. Они были на 9,78 кг (на 6,1%) больше, чем сверстницы с генотипом

bGH^{C/C}*CASB*^{C/A}, и на 12,1 кг (на 7,6%) больше, чем животные с генотипом *bGH*^{C/G}*CASB*^{C/C} ($p < 0,05$). Более высокая интенсивность роста в ранний период является хозяйственно-полезным признаком, так как способствует формированию крепких, хорошо развитых животных.

Таблица 9 – Ассоциация комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* с динамикой живой массы молодняка джерсейской породы ($M \pm m$, кг)

Комплексный генотип		n	Живая масса			
<i>bGH</i>	<i>CASB</i>		При рождении	6 месяцев	10 месяцев	12 месяцев
C/C	C/A	62	24,25 ± 0,37	161,12 ± 1,66	254,67 ± 2,48	298,16 ± 2,49
C/C	C/C	10	23,10 ± 0,75	170,90 ± 3,55* ²	266,10 ± 3,58* ³	304,50 ± 3,35
C/G	C/A	122	23,83 ± 0,23	163,97 ± 1,16	255,68 ± 1,77	299,97 ± 1,96
C/G	C/C	31	23,19 ± 0,55	158,80 ± 1,66	252,70 ± 2,85	294,41 ± 3,87
G/G	C/A	94	23,81 ± 0,26	164,36 ± 1,06	258,27 ± 1,74	301,54 ± 2,13
G/G	C/C	40	23,30 ± 0,32	163,60 ± 2,04	261,07 ± 2,81	304,35 ± 3,57
C/G	A/A ¹	2	27,50 ± 3,50	168,00 ± 0,10	262,50 ± 5,50	304,50 ± 11,50

Примечание: * $p < 0,05$;

¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно;

^{2,3} *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/C} в сравнении с *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/A} и *bGH*^{C/G}*CASB*^{C/C}.

К 10 месяцам тенденция к дифференциации групп сохранилась. Лидерство по живой массе сохранили животные с генотипом *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/C} (266,1 кг). Они превосходили группы *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/A} и *bGH*^{C/G}*CASB*^{C/C} на 11,43 кг (на 4,5%) и 13,4 кг (на 5,3%) соответственно ($p < 0,05$). Разница в живой массе между максимальным и минимальным средним значением достигла 13,4 кг, что является существенным для ремонтных тёлочек, так как может влиять на сроки достижения физиологической и половой зрелости.

К годовалому возрасту, ключевому для оценки готовности к первому осеменению, наибольшие показатели живой массы были зафиксированы у животных с генотипами *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/C} (304,5 кг) и *bGH*^{G/G}*CASB*^{C/C} (304,35 кг). Наименьший результат был отмечен в группе с генотипом *bGH*^{C/G}*CASB*^{C/C} (294,41 кг), разница с лидерами составила 9,94 – 10,09 кг.

Установлено, что животные с генотипом *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/C} характеризуются более интенсивным ростом, что потенциально может способствовать сокращению

сроков выращивания ремонтного молодняка и достижению оптимальных весовых кондиций для осеменения в более раннем возрасте. Использование данных ДНК-маркеров может быть эффективным инструментом в селекционных программах по совершенствованию джерсейской породы, направленных на оптимизацию выращивания ремонтных тёлочек и, как следствие, повышение их пожизненной молочной продуктивности.

Анализ абсолютного прироста живой массы в зависимости от комплексных генотипов позволил детально охарактеризовать динамику роста в разные возрастные периоды (таблица 10).

Таблица 10 – Ассоциация комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* с абсолютным приростом молодняка джерсейской породы ($M \pm m$, кг)

Комплексный генотип		n	Абсолютный прирост по возрастным периодам		
<i>bGH</i>	<i>CASB</i>		0-6	6-10	10-12
C/C	C/A	62	136,87 ± 1,55	93,55 ± 1,88	43,48 ± 1,36
C/C	C/C	10	147,80 ± 3,80* ²	95,20 ± 1,87	38,40 ± 3,64
C/G	C/A	122	140,14 ± 1,13	91,71 ± 1,11	44,29 ± 1,01
C/G	C/C	31	135,61 ± 1,51	93,90 ± 1,70	41,71 ± 2,03
G/G	C/A	94	140,55 ± 1,03	93,91 ± 1,24	43,27 ± 1,16
G/G	C/C	40	140,30 ± 1,99	97,48 ± 1,58* ³	43,28 ± 2,01
C/G	A/A ¹	2	140,50 ± 3,50	94,50 ± 5,50	42,00 ± 6,00

Примечание: * $p < 0,05$;

¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно;

² $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ и $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$; ³ $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$.

В начальный период от рождения до 6 месяцев наиболее интенсивным приростом живой массы характеризовались животные с генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$. В среднем набор живой массы был 147,8 кг, что на 10,93 кг (на 8,0%) больше, чем у сверстниц с генотипами $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ и на 12,19 кг (на 9,0%) больше, чем у животных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ ($p < 0,05$). Наименьший прирост за этот период (135,61 кг) был зафиксирован у животных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$.

В следующий возрастной период, с 6 до 10 месяцев, лидером по абсолютному приросту стала группа с генотипом $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$, показавшая результат в 97,48 кг. Этот показатель был на 5,77 кг, или на 6,3% выше ($p < 0,05$), чем у жи-

вотных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$, которые продемонстрировали наименьший прирост (91,71 кг) в данный период. Такой интенсивный "компенсаторный рост" у носителей генотипа $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ позволил им нивелировать отставание, накопленное в первые месяцы жизни. Группа $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$, лидировавшая в период от рождения до 6 месяцев, в этот период показала умеренный, но стабильно высокий прирост (95,20 кг).

На заключительном этапе, с 10 до 12 месяцев, статистически значимых различий в абсолютном приросте между группами с разными комплексными генотипами не наблюдалось. Приросты варьировали в узком диапазоне от 38,40 кг до 44,29 кг, что свидетельствует о выравнивании темпов роста у всех животных по мере приближения к физиологической зрелости. Таким образом, анализ абсолютных приростов подтвердил, что влияние комплексных генотипов носит период-специфический характер: генотип $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$ обеспечивает преимущество на раннем этапе, в то время как генотип $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ способствует ускоренному росту в более поздний период, показывая эффект компенсации.

Анализ среднесуточных приростов живой массы позволил детально охарактеризовать интенсивность роста молодняка на разных этапах онтогенеза (таблица 11).

В начальный период роста (0-6 месяцев) наиболее высокой интенсивностью характеризовались животные с генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$. Их среднесуточный прирост составил 821,11 г, что было на 60,72 г (на 8,0%) больше, чем у сверстниц с генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ и на 67,71 г (на 9,0%) больше, чем у животных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ ($p < 0,05$). Такая высокая энергия роста говорит о хорошей адаптации и эффективном использовании кормов, что является основой для формирования крепкого, хорошо развитого организма.

В последующий период (6-10 месяцев), совпадающий с активным половым созреванием, интенсивности роста в группах изменилась. Животные с генотипом $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ показали максимальный среднесуточный прирост в 812,29 г. Этот показатель был на 48,02 г, или на 6,3% выше ($p < 0,05$), чем у сверстниц с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$.

Таблица 11 – Ассоциация комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* с показателями среднесуточных приростов молодняка джерсейской породы ($M \pm m$, г)

Комплексный генотип		n	Среднесуточный прирост по возрастным периодам		
<i>bGH</i>	<i>CASB</i>		0-6	6-10	10-12
C/C	C/A	62	760,39 ± 8,63	779,56 ± 15,67	724,73 ± 22,64
C/C	C/C	10	821,11 ± 21,12* ²	793,33 ± 15,55	640,00 ± 60,71
C/G	C/A	122	778,55 ± 6,28	764,27 ± 9,26	738,11 ± 16,77
C/G	C/C	31	753,40 ± 8,40	782,52 ± 14,19	695,16 ± 33,83
G/G	C/A	94	780,79 ± 5,71	782,62 ± 10,33	721,09 ± 19,39
G/G	C/C	40	779,44 ± 11,03	812,29 ± 13,15* ³	721,25 ± 33,47
C/G	A/A ¹	2	780,55 ± 19,44	787,50 ± 45,83	700,00 ± 100,00

Примечание: * $p < 0,05$;

¹ группа исключена из статистического анализа из-за недостаточного размера выборки и представлена справочно;

² $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ и $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$;

³ $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$.

На заключительном этапе роста (10-12 месяцев), который непосредственно предшествует первому осеменению, статистически достоверных различий в интенсивности роста между группами установлено не было. Для всех животных было характерно физиологическое снижение среднесуточных приростов по сравнению с предыдущим периодом. Особого внимания заслуживает группа $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$, которая после лидирующих позиций в начальный период показала самое низкое значение среднесуточного прироста (640 г/сутки). Для молочной породы такая динамика может свидетельствовать не о недостатке, а о гармоничном развитии, позволяющем избежать избыточного ожирения перед первым осеменением, что является положительным фактором для будущей репродуктивной функции и здоровья.

Таким образом, проведенный анализ показал, что влияние комплексных генотипов на интенсивность роста тёлочек джерсейской породы носит выраженный период-зависимый характер. Генотип $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$ обеспечивает максимальный стартовый рост, а генотип $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$ высокую интенсивность развития в период полового созревания. Выравнивание приростов к годовалому возрасту свидетельствует о том, что животные всех исследуемых генотипов способны достичь необходимых кондиций для введения в репродуктивный цикл. Полученные дан-

ные позволяют использовать ДНК-маркеры *bGH* и *CASB* как инструмент для прогнозирования типа роста и развития ремонтных тёлочек, что открывает возможности для более целенаправленной селекционной работы в стаде.

Обсуждая полученные результаты, следует отметить, что выявленная связь гена *bGH* с показателями роста согласуется с большим массивом научных данных. Проведенный М. Bayraktar и М. Özdemir (2022) мета-анализ 34 исследований подтвердил значимое влияние полиморфизма гена гормона роста на ростовые признаки у крупного рогатого скота, в частности, на массу тела при рождении. Наша работа уточняет этот эффект, демонстрируя его проявление на более поздних стадиях онтогенеза.

Ключевой особенностью, выявленной в нашем исследовании, является динамический характер влияния гена *bGH*, где его эффект на рост был наиболее выражен в конкретном возрастном окне (6-10 месяцев). Это наблюдение перекликается с данными S. M. El-Komy с соавт. (2021), которые изучали этот же полиморфизм у египетских буйволов и также обнаружили его возраст-специфическое действие: аллель Leu (соответствующий аллелю С в нашей работе) был связан с лучшим ростом при отъеме, тогда как аллель Val (G) – с лучшим ростом в годовалом возрасте. Это подтверждает, что оценка генетического потенциала роста по одной временной точке может быть неполной, и для точной селекции необходимо учитывать динамику проявления гена. В своем исследовании Н. R. Oliveira с соавт. (2019), показали, что влияние большинства генов на молочную продуктивность также не является постоянным, а динамически меняется на протяжении лактации. Наша работа расширяет этот вывод, показывая, что генетический контроль является динамическим процессом не только в течение лактации, но и в течение периода роста животного. Это подчеркивает, что оценка признаков по одной временной точке (например, живая масса в 12 месяцев) может не показывать важные биологические закономерности и периоды максимального проявления генетического потенциала. Роль *bGH* как центрального регулятора метаболизма, подтвержденная в том числе работой М. P. Mullen с соавт. (2010), объясняет его столь сложное, период-специфическое влияние на рост.

3.2.2. Ассоциация генотипов генов *bGH* и *CASB* с экстерьерными показателями и типами телосложения коров-первотелок

Результаты исследования, направленного на изучение взаимосвязи между типом телосложения, генетическими особенностями (полиморфизмом генов *bGH* и *CASB*) и показателями молочной продуктивности и экстерьера у коров джерсейской породы показали статистически достоверное влияние генетических особенностей животных на формирование их фенотипических признаков.

Анализ влияния полиморфизма гена *bGH* на экстерьерные показатели коров-первотелок показал, что его действие является ограниченным и проявляется преимущественно на высотных промерах (таблица 12).

Таблица 12 – Ассоциация полиморфизма гена *bGH* с экстерьерными показателями коров джерсейской породы ($M \pm m$)

Показатель	Генотип		
	C/C (n=72)	C/G (n=155)	G/G (n=134)
Линейные промеры, см			
Высота в холке	125,53 ± 0,38	125,28 ± 0,26	126,20 ± 0,27* ¹
Высота в крестце	129,54 ± 0,43	129,91 ± 0,29	130,55 ± 0,31* ²
Глубина груди	66,97 ± 0,42	66,74 ± 0,28	67,61 ± 0,30* ¹
Ширина груди за лопатками	38,57 ± 0,48	38,59 ± 0,33	38,98 ± 0,34
Боковая длина зада	48,60 ± 0,32	48,51 ± 0,22	48,93 ± 0,23
Ширина зада в маклоках	45,56 ± 0,35	45,61 ± 0,24	45,86 ± 0,25
Обхват груди за лопатками	176,31 ± 0,81	176,23 ± 0,55	177,54 ± 0,57
Обхват пясти	16,92 ± 0,12	17,04 ± 0,08	17,04 ± 0,08
Косая длина туловища	157,69 ± 0,88	157,67 ± 0,60	159,31 ± 0,63
Полуобхват зада	84,33 ± 0,55	84,07 ± 0,37	84,36 ± 0,39
Длина головы	43,26 ± 0,18	43,36 ± 0,12	43,32 ± 0,12
Длина лба	21,88 ± 0,17	21,90 ± 0,12	21,84 ± 0,12
Ширина лба	19,40 ± 0,24	19,43 ± 0,16	19,45 ± 0,17
Индексы телосложения, %			
Длинноногости	46,65 ± 0,29	46,73 ± 0,19	46,40 ± 0,20
Растянутости	125,62 ± 0,56	125,85 ± 0,38	126,24 ± 0,40
Тазогрудной	85,91 ± 0,84	86,17 ± 0,57	85,39 ± 0,60
Грудной	57,75 ± 0,62	57,86 ± 0,42	57,67 ± 0,44
Сбитости	112,02 ± 0,50	111,36 ± 0,34	111,31 ± 0,35
Перерослости	103,19 ± 0,22	103,69 ± 0,15	103,45 ± 0,16
Костистости	13,48 ± 0,09	13,60 ± 0,06	13,50 ± 0,07

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ G/G в сравнении с C/G; ² G/G в сравнении с C/C.

Установлено, что животные-носители генотипа G/G имели достоверно большие значения по высоте в холке и глубине груди. Их высота в холке была на 0,92 см (на 0,7%) больше ($p < 0,05$), а глубина груди – на 0,87 см (на 1,3%) больше

($p < 0,05$), чем у сверстниц с гетерозиготным генотипом C/G, которые имели наименьшие показатели по этим промерам. Также животные с генотипом G/G превосходили по высоте в крестце коров с генотипом C/C на 1,01 см (на 0,8%) ($p < 0,05$). Данные факты указывают на положительную связь аллеля G с высотными промерами и общим развитием туловища.

В то же время, по подавляющему большинству других линейных промеров, включая ширину и обхват груди, косую длину туловища, размеры тазовой части и обхват пясти, статистически достоверных различий между тремя генотипами установлено не было. Абсолютные значения этих промеров у животных разных генотипов были очень близки, что свидетельствует об отсутствии существенного влияния изучаемого гена на массивность, развитие костяка и мускулатуры.

Наиболее показательным является анализ индексов телосложения, характеризующих пропорциональность животных. Ни по одному из семи рассчитанных индексов (длинноногости, растянутости, сбитости, костистости и др.) не было обнаружено статистически значимых различий между животными разных генотипов. Это говорит о том, что, несмотря на незначительные различия в абсолютных промерах, общая гармоничность и пропорциональность телосложения у животных всех трех групп была практически идентичной.

Таким образом, можно заключить, что полиморфизм гена *bGH* оказывает статистически достоверное, но биологически ограниченное влияние на экстерьер коров, проявляясь только на отдельных высотных промерах и не затрагивая общие пропорции и индексы телосложения.

Для изучения связи полиморфизма гена бета-казеина с экстерьерными особенностями коров джерсейской породы был проведен анализ линейных промеров и индексов телосложения у животных с разными генотипами (таблица 13).

Проведенный анализ не выявил статистически значимых различий между коровами-носительницами генотипов C/A и C/C ни по одному из 13 изученных линейных промеров. Средние значения по всем ключевым измерениям, характеризующим развитие животных, были практически идентичными.

Таблица 13 – Ассоциация полиморфизма гена *CASB* с экстерьерными показателями коров джерсейской породы ($M \pm m$)

Показатель	Генотип		
	C/A (n=278)	C/C (n=81)	A/A ¹ (n=2)
Линейные промеры, см			
Высота в холке	125,65 ± 0,22	125,83 ± 0,40	125,50 ± 1,50
Высота в крестце	130,07 ± 0,25	130,19 ± 0,46	129,00 ± 2,00
Глубина груди	67,07 ± 0,24	67,23 ± 0,43	68,00 ± 1,00
Ширина груди за лопатками	38,71 ± 0,28	38,81 ± 0,51	40,00 ± 3,00
Боковая длина зада	48,63 ± 0,19	48,64 ± 0,35	47,50 ± 0,50
Ширина зада в маклоках	45,69 ± 0,21	45,71 ± 0,38	47,50 ± 0,50
Обхват груди за лопатками	176,64 ± 0,46	176,80 ± 0,84	176,50 ± 0,50
Обхват пясти	17,00 ± 0,07	17,04 ± 0,12	18,00 ± 0,00
Косая длина туловища	158,26 ± 0,51	158,36 ± 0,93	160,00 ± 4,00
Полуобхват зада	84,18 ± 0,31	84,33 ± 0,57	82,00 ± 0,00
Длина головы	43,36 ± 0,10	43,21 ± 0,19	44,00 ± 0,00
Длина лба	21,87 ± 0,10	21,93 ± 0,18	21,00 ± 1,00
Ширина лба	19,43 ± 0,14	19,43 ± 0,25	17,00 ± 0,00
Индексы телосложения, %			
Длинноногости	46,65 ± 0,16	46,60 ± 0,29	45,82 ± 0,15
Растянутости	125,97 ± 0,33	125,87 ± 0,60	127,50 ± 4,76
Тазогрудной	85,91 ± 0,47	85,82 ± 0,86	83,33 ± 4,41
Грудной	57,75 ± 0,35	57,80 ± 0,63	60,04 ± 4,81
Сбитости	111,54 ± 0,28	111,61 ± 0,51	110,31 ± 2,36
Перерослости	103,52 ± 0,13	103,47 ± 0,23	102,79 ± 0,39
Костистости	13,54 ± 0,06	13,54 ± 0,10	14,34 ± 0,17

Примечание: ¹ генотип A/A (n=2) представлен справочно и не был включен в статистический анализ из-за малой численности выборки.

Ни по одному из семи рассчитанных индексов, характеризующих пропорциональность и гармоничность сложения животных, не было установлено статистически достоверных различий. Это свидетельствует о том, что полиморфизм в гене бета-казеина не влияет не только на абсолютные размеры, но и на тип телосложения коров, включая такие важные характеристики, как растянутость, сбитость и костистость.

Таким образом, можно заключить, что полиморфизм в гене *CASB*, который известен своим фундаментальным влиянием на качественный состав и технологические свойства молока, не ассоциирован с экстерьерными особенностями коров джерсейской породы. Отсутствие различий как по линейным промерам, так и по индексам телосложения позволяет утверждать, что отбор по желательным аллелям гена бета-казеина с целью улучшения сыропригодности молока не окажет ка-

кого-либо побочного положительного или отрицательного влияния на конституцию и экстерьер животных в стаде.

Для изучения комплексного влияния генов со *bGH* и *CASB* на экстерьерные особенности коров были проанализированы линейные промеры и индексы телосложения у животных с шестью различными комбинациями генотипов. Проведенный анализ выявил, что комплексное влияние данных генов на экстерьерные характеристики коров является ограниченным и проявляется лишь по отдельным высотным и глубинным промерам (таблица 14).

Таблица 14 – Связь комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* экстерьерными показателями коров ($M \pm m$)

Показатель	<i>bGH</i> ^{C/C} <i>CASB</i> ^{C/A} (n=62)	<i>bGH</i> ^{C/C} <i>CASB</i> ^{C/C} (n=10)	<i>bGH</i> ^{C/G} <i>CASB</i> ^{C/A} (n=122)	<i>bGH</i> ^{C/G} <i>CASB</i> ^{C/C} (n=31)	<i>bGH</i> ^{G/G} <i>CASB</i> ^{C/A} (n=94)	<i>bGH</i> ^{G/G} <i>CASB</i> ^{C/C} (n=40)
Линейные промеры, см						
Высота в холке	125,55±0,42	125,40±1,03	125,18±0,29	125,65±0,54	126,27±0,30* ¹	126,05±0,52
Высота в крестце	129,53±0,49	129,60±1,25	129,82±0,33	130,23±0,56	130,62±0,35	130,38±0,64
Глубина груди	66,97±0,47	67,00±0,95	66,66±0,31	67,06±0,57	67,69±0,33* ¹	67,43±0,60
Ширина груди за лопатками	38,61±0,54	38,20±1,30	38,51±0,37	38,87±0,66	39,07±0,38	38,78±0,66
Боковая длина зада	48,56±0,36	48,80±0,88	48,42±0,25	48,84±0,44	48,99±0,26	48,80±0,44
Ширина зада в маклоках	45,61±0,39	45,20±0,98	45,55±0,27	45,84±0,49	45,91±0,28	45,75±0,49
Обхват груди за лопатками	176,34±0,91	176,10±2,19	176,01±0,62	176,97±1,06	177,70±0,64	177,15±1,01
Обхват пясти	16,88±0,14	17,20±0,33	17,04±0,09	17,05±0,16	17,05±0,09	17,01±0,17
Косая длина туловища	157,69±0,98	157,60±2,21	157,64±0,67	157,77±1,09	159,38±0,71	159,15±1,17
Полуобхват зада	84,40±0,62	83,80±1,56	84,00±0,42	84,32±0,72	84,43±0,44	84,23±0,69
Длина головы	43,26±0,20	43,30±0,49	43,36±0,14	43,35±0,24	43,33±0,13	43,30±0,24
Длина лба	21,87±0,19	22,00±0,45	21,89±0,13	21,94±0,23	21,84±0,14	21,83±0,24
Ширина лба	19,42±0,27	19,30±0,68	19,41±0,18	19,52±0,33	19,46±0,19	19,43±0,33
Индексы телосложения, %						
Длинноногости	46,68±0,32	46,67±0,73	46,79±0,21	46,55±0,43	46,36±0,22	46,49±0,41
Растянутости	125,62±0,62	125,59±1,72	125,92±0,43	125,58±0,76	126,29±0,45	126,28±0,82
Тазогрудной	85,95±0,94	85,60±2,20	86,18±0,64	86,06±1,07	85,38±0,67	85,45±1,04
Грудной	57,78±0,70	57,48±1,56	57,75±0,47	58,16±0,90	57,77±0,49	57,40±0,87
Сбитости	112,04±0,56	111,89±1,28	111,27±0,39	111,74±0,67	111,39±0,39	111,20±0,70
Перерослости	103,17±0,28	103,35±0,62	103,70±0,17	103,64±0,29	103,45±0,18	103,44±0,34
Костистости	13,46±0,10	13,71±0,24	13,60±0,07	13,57±0,12	13,51±0,08	13,49±0,13

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ *bGH*^{G/G} *CASB*^{C/A} в сравнении с *bGH*^{C/G} *CASB*^{C/A}; группа *bGH*^{C/G} *CASB*^{A/A} (n=2) не была включена в статистический анализ из-за малой численности выборки.

Установлено, что животные-носители комплексного генотипа $bGH^{G/G} CASB^{C/A}$ имели более высокие показатели по двум линейным промерам. Так, высота в холке была на 1,09 см (на 0,9%) больше ($p < 0,05$), а глубина груди – на 1,03 см (на 1,5%) больше ($p < 0,05$), чем у сверстниц с генотипом $bGH^{C/G} CASB^{C/A}$. Это указывает на слабую положительную связь комбинации генотипа G/G по гену bGH и C/A по гену $CASB$ с развитием скелета в высоту и глубину. Остальные четыре генотипические группы занимали промежуточное положение по данным показателям, не имея достоверных отличий от крайних значений.

Вместе с тем, по подавляющему большинству других ключевых промеров, характеризующих развитие и массивность животных, статистически достоверных различий между шестью группами выявлено не было. В частности, это касается таких важных показателей, как ширина и обхват груди, косая длина туловища, все промеры тазовой части и головы. Абсолютные значения этих промеров у животных разных генотипов были очень близки, что свидетельствует об отсутствии существенного влияния изучаемых комплексных генотипов на массивность и развитие мускулатуры.

Установив, что полиморфизмы в генах bGH и $CASB$ оказывают лишь ограниченное прямое влияние на отдельные промеры, следующим шагом стало изучение более общих, интегральных характеристик экстерьера. С этой целью животные были разделены на три типа телосложения (лептосомный, мезосомный, эйрисомный) (таблица 15).

Анализ данных позволил определить, что коровы эйрисомного типа телосложения статистически значимо превосходили животных других групп по большинству линейных промеров. Высота в холке, высота в крестце, глубина и ширина груди, боковая длина зада, ширина зада в маклоках, обхват груди, обхват пясти и косая длина туловища – все эти показатели были выше у эйрисомного типа коров по сравнению с лептосомным и мезосомным типами. Это согласуется с общепринятыми представлениями о характеристиках эйрисомного типа телосложения (Т.Ф. Лефлер, В.В. Багаев, 2014; Н.И. Татаркина, М.А. Свяженина, Е.А. Пономарева, 2023). Лептосомного типа коровы отличались более высокими значениями

ряда индексов телосложения (тазогрудного, грудного, сбитости, костистости), что также соответствует описанию данного типа (Т.Ф. Лефлер, В.В. Багаев, 2014; В. В. Вечерка, Е. А. Самохина, И. А. Еремейчук, 2016). Результаты анализа экстерьерных особенностей в целом согласуются с данными, представленными в работах С. С. Крамаренко, Н. И. Кузьмичева, А. С. Крамаренко (2017) и Т. Т. Тарчоков с соавт. (2023), где также отмечаются различия в линейных промерах и индексах телосложения у коров разных пород и типов конституции.

Таблица 15 – Показатели линейных промеров и индексов телосложения в связи с типом телосложения ($M \pm m$)

Показатель	Тип телосложения		
	Лептосомный (n = 38)	Мезосомный (n = 273)	Эйрисомный (n = 49)
Линейные промеры, см			
Высота в холке	123,84 ± 0,54	125,32 ± 0,15	126,48 ± 0,38* ¹
Высота в крестце	127,84 ± 0,51	129,46 ± 0,18	130,61 ± 0,42* ¹
Глубина груди	64,55 ± 0,32	66,65 ± 0,13	69,59 ± 0,25* ¹
Ширина груди	35,60 ± 0,46	38,38 ± 0,15	41,65 ± 0,36* ¹
Боковая длина зада	47,28 ± 0,37	48,36 ± 0,09	49,83 ± 0,27* ¹
Ширина зада в маклоках	44,01 ± 0,29	45,73 ± 0,11	47,79 ± 0,29* ¹
Обхват груди	167,89 ± 0,46	176,17 ± 0,18	185,75 ± 0,45* ¹
Обхват пясти	16,62 ± 0,14	17,10 ± 0,04	17,64 ± 0,08* ¹
Косая длина туловища	151,23 ± 0,65	158,03 ± 0,34	163,53 ± 0,72* ¹
Полуобхват зада	82,18 ± 0,61	84,59 ± 0,21	86,61 ± 0,56* ¹
Длина головы	43,57 ± 0,20	43,16 ± 0,09	42,87 ± 0,19
Длина лба	21,86 ± 0,22	21,57 ± 0,06	21,48 ± 0,14
Ширина лба	19,71 ± 0,33	19,78 ± 0,09	19,95 ± 0,21
Индекс телосложения, %			
Длинноногости	45,03 ± 0,34	46,76 ± 0,10	47,40 ± 0,29* ¹
Растянутости	122,18 ± 0,62	126,12 ± 0,29	129,30 ± 0,55* ¹
Тазогрудной	90,50 ± 1,01* ²	83,85 ± 0,39	81,12 ± 0,97
Грудной	63,13 ± 0,54* ²	57,51 ± 0,21	54,14 ± 0,47
Сбитости	113,28 ± 0,64* ³	112,12 ± 0,20	108,92 ± 0,53
Перерослости	103,16 ± 0,26	103,33 ± 0,09	103,22 ± 0,22
Костистости	13,97 ± 0,08* ²	13,65 ± 0,03	13,56 ± 0,11

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ эйрисомный тип в сравнении с двумя другими типами; ² лептосомный тип в сравнении с двумя другими типами; ³ лептосомный тип в сравнении с эйрисомным типом.

Что касается индексов телосложения, то эйрисомного типа коровы характеризовались более высокими индексами длинноногости (47,4%, что на 2,37 больше, чем у лептосомного типа и на 0,64 больше, чем у мезосомного типа) и растянутости (129,3%, что на 7,12 больше, чем у лептосомного типа и на 3,18 больше, чем у мезосомного типа). Напротив, коровы лептосомного типа телосложения от-

личались более высокими значениями тазогрудного, грудного, сбитости и костистости индексов.

Таким образом, анализ линейных промеров и индексов телосложения подтвердил, что коровы эйрисомного типа характеризовались более крупными размерами и более выраженной длинноногостью и растянутостью, в то время как лептосомные животные отличаются большей компактностью, относительным развитием таза и костяка, а также грудной клетки.

С целью выявления возможной генетической обусловленности установленных фенотипических различий было проанализировано рассмотрено распределение генотипов генов *bGH* и *CASB* в разрезе типов телосложения (таблица 16).

Таблица 16 – Распределение частот генотипов генов *bGH* и *CASB* по типам телосложения

Ген	Генотип	Лептосомный тип (n = 38)		Мезосомный тип (n = 273)		Эйрисомный тип (n = 49)	
		Кол-во, гол.	%	Кол-во, гол.	%	Кол-во, гол.	%
<i>bGH</i>	C/C	8	21	54	19,8	10	20,4
	C/G	15	39,5	120	43,9	20	40,8
	G/G	15	39,5	99	36,3	19	38,8
<i>CASB</i>	A/A	0	0	2	0,7	0	0
	C/A	28	73,7	214	78,4	35	71,4
	C/C	10	26,3	57	20,9	14	28,6

Анализ распределения генотипов по гену *bGH* показал, что генотип C/G является наиболее часто встречающимся во всех трех группах: 39,5% у коров лептосомного типа, 43,9% у мезосомного типа и 40,8% у эйрисомного типа. Генотипы C/C и G/G встречаются реже и распределены относительно равномерно между группами. По гену *CASB* преобладающим генотипом во всех группах оказался генотип C/A (73,7% у лептосомного типа, 78,4% у мезосомного типа и 71,4% у эйрисомного типа коров). Генотип A/A был обнаружен лишь у двух животных мезосомного типа, что составляет всего 0,7% от общего числа коров этой группы.

Далее был проведен анализ распределения комплексных генотипов, представляющих собой сочетание генотипов по генам *bGH* и *CASB* (таблица 17).

Таблица 17 – Распределение частот комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* по типам телосложения

Генотип	Лептосомный (n = 38)		Мезосомный (n = 273)		Эйрисомный (n = 49)	
	Кол-во, гол.	%	Кол-во, гол.	%	Кол-во, гол.	%
<i>bGH^{C/C}CASB^{C/A}</i>	8	21	46	16,9	8	16,3
<i>bGH^{C/C}CASB^{C/C}</i>	0	0	8	2,9	2	4,1
<i>bGH^{C/G}CASB^{C/A}</i>	13	34,2	93	34,1	16	32,6
<i>bGH^{C/G}CASB^{C/C}</i>	2	5,3	25	9,1	4	8,2
<i>bGH^{C/G}CASB^{A/A}</i>	0	0	2	0,7	0	0
<i>bGH^{G/G}CASB^{C/A}</i>	7	18,5	75	27,5	11	22,5
<i>bGH^{G/G}CASB^{C/C}</i>	8	21	24	8,8	8	16,3

Наиболее распространенным комплексным генотипом во всех трех группах оказался генотип *bGH^{C/G}CASB^{C/A}* 34,2% у лептосомного типа, 34,1% у мезосомного типа и 32,6% у эйрисомного типа коров. Комплексные генотипы, включающие редкий аллель А гена *CASB* (*bGH^{C/G}CASB^{A/A}* и *bGH^{G/G}CASB^{C/A}*), встречались значительно реже. Детальный анализ выявил специфичность распределения для комплексного гомозиготного генотипа *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*. При средней частоте в популяции 11,1%, среди коров пропорционального (мезосомного) типа его доля снижается до 8,8%. В то же время среди животных с крайними типами конституции наблюдается его накопление до 16,3% в эйрисомной группе и до 21,0% в лептосомной. Таким образом, установлена взаимосвязь между сочетанием аллелей *bGH^{G/G}CASB^{C/C}* и особенностями экстерьера. Животные с этим комплексным генотипом реже имеют среднее (мезосомное) телосложение, чаще формируя крайние типы – лептосомный и эйрисомный (С.А. Олейник, А.В. Лесняк, 2026).

Масштабные полногеномные исследования (GWAS) подтверждают, что признаки телосложения являются сложными и полигенными. Например, в работе Х. Wu с соавт. (2013) на китайской голштинской популяции было идентифицировано 59 значимых SNP, ассоциированных с 26 признаками экстерьера. Авторы выделили такие гены-кандидаты, как *DARC*, *GAS1* и *MTPN*, влияющие на глубину и ширину груди. Аналогично, J.B. Cole с соавт. (2011) в своем исследовании на голштинской породе в США выявили, что гены *PHKA2* на X-хромосоме и *REN* на *ВТА16* оказывают наиболее значимое влияние на признаки размера тела. В этом контексте результаты нашего исследования, сфокусированного на комплексном влия-

нии генов *bGH* и *CASB*, логично вписываются в полигенную модель. Установленная статистически значимая ассоциация с высотой в холке и глубиной груди указывает на то, что ген *bGH*, являясь маркером продуктивности, генетически сопряжен с отдельными вертикальными промерами экстерьера. В то же время, отсутствие достоверных различий по большинству других промеров и по всем индексам телосложения подчеркивает, что эффект одного или двух генов недостаточен для формирования всего комплекса экстерьерных признаков.

3.3. Ассоциация полиморфизма в генах *bGH* и *CASB* с репродуктивной функцией телок

Эффективность молочного скотоводства тесно связана с репродуктивной функцией стада, которая определяет темпы воспроизводства, продолжительность продуктивного использования животных и, в конечном счете, экономическую рентабельность отрасли. Оптимизация репродуктивных качеств, таких как возраст первого отела, продолжительность сервис-периода и межотельного интервала, является одной из ключевых задач современной селекции крупного рогатого скота (М. А. Анамика и др., 2022; А. А. Saleh и др., 2024; D. K. Yadav и др., 2024).

Для оценки влияния полиморфизма в гене *bGH* на репродуктивные показатели и живую массу молочного скота джерсейской породы при первом успешном осеменении, были проанализированы данные по генотипам животных и соответствующим признакам (таблица 18).

Таблица 18 – Связь генотипов гена *bGH* с показателями живой массы, возрастом 1-го плодотворного осеменения и кратностью осеменения ($M \pm m$)

Показатель	Генотипы		
	C/C (n = 72)	C/G (n = 155)	G/G (n = 134)
Живая масса при 1-ом плодотворном осеменении, кг	304,83 ± 3,63	305,38 ± 2,40	310,20 ± 2,69
Возраст 1-го плодотворного осеменения, дней	368,75 ± 3,72	372,00 ± 2,58	377,23 ± 3,45
Кратность осеменения до 1-го плодотворного, доз	1,59 ± 0,09	1,55 ± 0,06	1,82 ± 0,09* ¹

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ G/G в сравнении с C/C и C/G.

При изучении живой массы была установлена численная тенденция к ее увеличению у носителей аллеля G. Животные с генотипом G/G имели наибольшую живую массу при первом плодотворном осеменении, которая была на 5,37 кг (на 1,8%) больше, чем у сверстниц с генотипом C/C, и на 4,82 кг (на 1,6%) больше, чем у гетерозигот C/G.

Схожая тенденция наблюдалась и для возраста первого осеменения. Коровы с генотипом G/G достигали репродуктивной зрелости позже всех. Их возраст в среднем был на 8,48 дня (на 2,3%) больше, чем у животных с генотипом C/C, и на 5,23 дня (на 1,4%) больше, чем у гетерозигот C/G.

Наиболее выраженное и статистически значимое влияние было установлено для кратности осеменения. У носителей генотипа G/G отмечен достоверно более высокий индекс осеменения (1,82 против 1,59 у C/C; $p < 0,05$). Данная биологическая особенность высокорослых животных указывает на необходимость индивидуального подхода при выборе времени первого осеменения для этой группы, чтобы нивелировать риск удлинения сервис-периода. Полученные данные указывают на наличие отрицательной генетической сопряженности (корреляции): генотип G/G, ассоциированный с интенсивным развитием, одновременно сопряжен с увеличением индекса осеменения (С.А. Олейник, А.В. Лесняк, 2025).

Для оценки влияния полиморфизма в гене *CASB* на репродуктивные показатели и живую массу молочного скота джерсейской породы при первом успешном осеменении, были проанализированы данные по генотипам животных и соответствующим признакам (таблица 19).

Статистически значимых различий между животными с генотипами C/A и C/C не было выявлено ни по одному из изученных признаков ($p > 0,05$). Средние значения живой массы (306,81 кг против 307,55 кг), возраста первого осеменения (372,50 дней против 374,11 дней) и кратности осеменения (1,65 против 1,69) у коров двух групп были практически идентичны.

Таблица 19 – Связь генотипов гена *CASB* с показателями живой массы, возрастом 1-го плодотворного осеменения и кратностью осеменения ($M \pm m$)

Показатель	Генотипы		
	C/A	C/C	A/A ¹
Количество животных	278	81	2
Живая масса при 1-ом плодотворном осеменении, кг	306,81 ± 1,85	307,55 ± 3,50	326,00 ± 12,00
Возраст 1-го плодотворного осеменения, дней	372,50 ± 2,01	374,11 ± 4,12	395,20 ± 0,00
Кратность осеменения до 1-го плодотворного, доз	1,65 ± 0,05	1,69 ± 0,10	3,00 ± 1,00

Примечание: ¹ генотип A/A исключен из статистического анализа из-за малой выборки и представлен справочно.

Таким образом, можно заключить, что в исследуемой популяции полиморфизм *r.Prob7His* гена *CASB* не оказывает прямого и хозяйственно-значимого влияния на репродуктивную функцию коров-первотелок. Это подтверждает гипотезу о том, что основное биологическое действие данного гена связано с процессами лактации и определением качественного состава молока, а не с репродукцией.

Наиболее полную картину дает анализ комплексного влияния генов, который позволяет выявить эпистатические взаимодействия и определить наиболее желательные комбинации аллелей для селекции (таблица 20).

Таблица 20 – Связь комплексных генотипов *bGH* и *CASB* с репродуктивными показателями ($M \pm m$)

Комплексный генотип		n	Живая масса при 1-ом плод. осеменении, кг	Возраст 1-го плод. осеменения, дней	Кратность осеменения до 1-го плодотворного, доз
<i>bGH</i>	<i>CASB</i>				
C/C	C/A	62	303,40 ± 4,31	368,15 ± 4,11	1,58 ± 0,11
C/G	C/A	122	304,50 ± 2,82	371,90 ± 2,80	1,53 ± 0,06* ²
G/G	C/A	94	309,24 ± 3,21	376,55 ± 3,95	1,80 ± 0,10
C/C	C/C	10	320,10 ± 12,30	370,50 ± 10,2	1,60 ± 0,21
C/G	C/C	31	302,19 ± 5,74	373,40 ± 5,10	1,61 ± 0,12
G/G	C/C	40	313,38 ± 5,00	379,10 ± 5,50	1,88 ± 0,15
C/G	A/A ¹	2	326,00 ± 12,00	395,20 ± 0,00	3,00 ± 1,00

Примечание: * $p < 0,05$;

¹ группа *bGH^{C/G}CASB^{A/A}* (n=2) не была включена в статистический анализ из-за малой численности выборки;

² *bGH^{C/G}CASB^{C/A}* в сравнении с *bGH^{G/G}CASB^{C/A}* и *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*.

При анализе живой массы и возраста при первом плодотворном осеменении не было установлено статистически значимых различий между большинством исследуемых групп. Тем не менее, прослеживается четкая и последовательная тен-

денция: животные, гомозиготные по аллелю G гена *bGH* (генотипы *bGH^{G/G}CASB^{C/A}* и *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*), характеризовались как наибольшей живой массой (309,24 кг и 313,38 кг соответственно), так и более поздним возрастом достижения стельности (376,55 и 379,1 дней). Наиболее ранний возраст первого осеменения (368,15 дней) был зафиксирован у коров с генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/A}*, что подтверждает положительное влияние аллеля C гена *bGH* на репродуктивную скороспелость.

Наиболее выраженное и статистически достоверное влияние комплексных генотипов было зафиксировано для показателя кратности осеменения. Все генотипические группы четко разделились на два кластера в зависимости от аллельного состава гена *bGH*. Коровы, имеющие в своем генотипе аллель C, сформировали группу с высокой репродуктивной эффективностью, требуя для оплодотворения от 1,53 до 1,61 осеменения. В то же время, животные, гомозиготные по аллелю G (*bGH^{G/G} CASB^{C/A}* и *bGH^{G/G} CASB^{C/C}*), сформировали кластер с выраженной низкой эффективностью. Им требовалось для оплодотворения 1,80 и 1,88 осеменения соответственно, что выше, чем у группы *bGH^{C/G}CASB^{C/A}* ($p < 0,05$).

Таким образом, анализ комплексных генотипов показал, что генотип G/G гена *bGH* является, предположительно, генетическим фактором, снижающим репродуктивную эффективность у коров джерсейской породы в первый год жизни, и этот негативный эффект проявляется стабильно, независимо от генотипа по гену *CASB*. Наилучшими репродуктивными показателями (минимальная кратность осеменений 1,53 и относительно ранний возраст) характеризовались животные с комплексным генотипом *bGH^{C/G}CASB^{C/A}*.

Выявленный антагонизм между ростом и репродуктивной функцией, связанный с полиморфизмом *bGH*, является ключевым результатом данного раздела. Он находит подтверждение в исследованиях, проведенных на популяционном уровне. Так, F.W. Tirfie с соавт. (2023) при изучении кроссбредного скота в Эфиопии установил сильную положительную генетическую корреляцию ($r = +0,77$) между весом при отъеме и возрастом первого отела, что прямо указывает: отбор на высокий ранний рост генетически приводит к более позднему половому созре-

ванию. Аналогично, P. Ratwan с соавт. (2024) в своем исследовании на коровах породы Сахивал также выявили антагонистические (нежелательные положительные) генетические корреляции между удоем и репродуктивными признаками, такими как интервал от отела до первого осеменения.

Сложность генетического контроля репродукции подчеркивается в обзоре M. Panigrahi с соавт. (2024), где указывается на огромное количество локусов, влияющих на фертильность (например, для возраста полового созревания идентифицировано 10 623 QTL). Это означает, что ген *bGH* является лишь одним из многих элементов в сложной регуляторной сети. Примечательно, что M. A. Stephen с соавт. (2024) в своей работе показали, что возраст полового созревания, являясь хорошим предиктором фертильности, имеет слабую генетическую корреляцию с ростовыми показателями. Это говорит о том, что, несмотря на существование антагонистических связей (как в случае с *bGH*), возможен одновременный отбор на оба признака путем идентификации и использования генов, не обладающих таким антагонистическим плейотропным эффектом.

3.4. Ассоциация полиморфизма генов *bGH*, *CASB* и их комбинаций на количественные и качественные показатели молочной продуктивности

Среди множества факторов, влияющих на молочную продуктивность, генетические особенности животных играют определяющую роль (С. Sebastiani и др., 2020). Современный селекционный процесс эволюционирует: классическая оценка по фенотипу интегрируется с передовыми методами молекулярной генетики. В фокусе внимания ученых находится изучение полиморфизма генов-кандидатов, выступающих в роли маркеров хозяйственно ценных признаков (В. И. Ладька и др., 2021; Л. А. Калашникова и др., 2021). Приоритет отдается локусам, кодирующим белки и гормоны, регулирующие лактацию.

Перед оценкой ассоциаций генов с молочной продуктивностью первоначально было рассмотрено, как удой зависит от типа телосложения коров (таблица 21).

Таблица 21 – Связь типа телосложения и молочной продуктивности ($M \pm m$)

Показатель	Тип телосложения		
	Лептосомный ¹ (n = 38)	Мезосомный ² (n = 273)	Эйрисомный ³ (n = 49)
Удой, кг	6485,52 ± 121,37	6713,97 ± 47,40* ^{1, 3}	6425,59 ± 99,10
Жир, %	5,38 ± 0,08	5,49 ± 0,03	5,78 ± 0,07* ^{1, 2}
Белок, %	4,16 ± 0,02* ²	4,10 ± 0,01	4,12 ± 0,02
Выход жира, кг	348,40 ± 7,50	367,25 ± 2,43	370,19 ± 5,66* ¹
Выход белка, кг	269,36 ± 4,54	274,95 ± 1,80* ³	264,41 ± 3,71
Суммарный выход жира и белка, кг	617,77 ± 11,21	642,20 ± 3,95* ¹	634,60 ± 8,69

Примечание: * $p < 0,05$; ^{1, 2, 3} с каким типом телосложения различия достоверны.

Наибольший удой был зафиксирован у коров мезосомного типа (6713,97 кг). Они превосходили животных лептосомного типа на 228,45 кг (на 3,5%) и эйрисомного типа на 288,38 кг (на 4,5%) ($p < 0,05$).

В то же время по массовой доле жира лидировали коровы эйрисомного типа, их показатель (5,78%) был на 0,40% больше, чем у лептосомного типа, и на 0,29% больше, чем у мезосомного типа ($p < 0,05$). По содержанию белка, напротив, преимущество было у лептосомного типа (4,16%), который превосходил мезосомный тип на 0,06% ($p < 0,05$). При оценке валового производства компонентов было установлено, что наибольший выход молочного жира имели коровы эйрисомного типа (370,19 кг), что на 21,79 кг (на 6,3%) больше ($p < 0,05$), чем у лептосомного типа. По выходу молочного белка наилучший результат показали животные мезосомного типа (274,95 кг), превосходя эйрисомный тип на 10,54 кг (на 4,0%) ($p < 0,05$). Аналогично, суммарный выход молочного жира и белка был максимальным у коров мезосомного типа (642,20 кг), что на 24,43 кг, или на 4,0% больше ($p < 0,05$), чем у животных лептосомного типа.

Эти данные согласуются с результатами ряда исследований. В частности, Т.В. Громова с соавт. (2017) выявили зависимость молочной продуктивности коров приобского типа черно-пестрой породы от экстерьерно-конституциональных особенностей телосложения. Л.В. Ефимова с соавт. (2016) также обнаружили связь между типом телосложения и продуктивностью коров красно-пестрой поро-

ды. В исследовании О.А. Басонова и А.С. Кулатковой (2023) также отмечается взаимосвязь экстерьерных и интерьерных показателей с молочной продуктивностью коров голштинской породы, однако конкретные данные о влиянии типа телосложения на жир и белок в молоке не приводятся. Авторы А.Ф. Контэ и Г.Г. Карликова (2022) установили, что параметры изменчивости показателей телосложения и продуктивности голштинских коров зависят от уровня удоя, что косвенно подтверждает наличие связи между этими признаками.

Несмотря на подтвержденную фенотипическую взаимосвязь, полученные на расширенной выборке результаты позволили уточнить выводы нашего предварительного исследования (С.А. Олейник, Н.З. Злыднев Н.З., А.В. Лесняк, 2024). Ранее, при оценке ограниченного поголовья первотелок ($n=209$), животные эйрисомного типа показали абсолютное превосходство не только по качественным показателям (МДЖ и выход жира), но и по валовому удою. Смещение лидерства по надоям к мезосомному типу при анализе расширенной выборки свидетельствует о влиянии дополнительных, скрытых генетических факторов.

Объяснение этой динамики дает генетическая структура популяции, описанная нами ранее (раздел 3.2.2, таблица 17). В группах коров с лептосомным и эйрисомным типом телосложения в 2,0 – 2,5 раза возрастает доля животных с комплексным генотипом $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$. Такое неравномерное распределение объясняет, почему массивные животные, физиологически склонные к высокой жирномолочности, в среднем по стаду уступают в объемах удоя пропорциональным сверстницам из-за эффекта генетического накопления определенных аллельных комбинаций.

Для детального выяснения механизмов реализации генетического потенциала и влияния данных полиморфизмов на количественные и качественные показатели молока, далее нами последовательно проанализировано действие генов bGH и $CASB$ как по отдельности, так и в виде комплексных генотипов.

В ходе исследования была установлена связь между полиморфными вариантами генов bGH и $CASB$ и продуктивными качествами джерсейского скота. Де-

тальный анализ гена *bGH* выявил его многофакторное воздействие, затрагивающее как общие объемы удоя, так и компонентный состав молока (таблица 22).

Таблица 22 – Показатели молочной продуктивности и состава молока в зависимости от генотипа гена *bGH* (M±m)

Показатель	Генотипы		
	C/C (n=72)	C/G (n=155)	G/G (n=134)
Удой, кг	6907,84 ± 93,94* ¹	6649,29 ± 63,63	6514,81 ± 60,99
Жир, %	5,45 ± 0,05	5,54 ± 0,04	5,54 ± 0,04
Белок, %	4,09 ± 0,02	4,13 ± 0,01	4,10 ± 0,01
Выход жира, кг	374,97 ± 4,53* ²	366,34 ± 3,31	359,94 ± 3,57
Выход белка, кг	282,05 ± 3,37* ²	274,10 ± 2,40	266,71 ± 2,38
Лактоза, %	4,87 ± 0,01	4,85 ± 0,007	4,86 ± 0,008
СОМО обзж., %	9,91 ± 0,03	9,97 ± 0,01	9,97 ± 0,02
СОМО общ., %	15,14 ± 0,09	15,38 ± 0,05* ³	15,42 ± 0,06* ³
Казеин, %	3,35 ± 0,02	3,40 ± 0,01* ³	3,40 ± 0,01* ³
Показатели здоровья и метаболизма			
Ацетон, ммоль/л	-0,005 ± 0,004	-0,009 ± 0,002	-0,014 ± 0,002* ³
Бета-гидроксibuтират, ммоль/л	0,013 ± 0,003	0,010 ± 0,001	0,009 ± 0,002
Мочевина, мг/100 мл	42,63 ± 0,35	42,78 ± 0,22	42,68 ± 0,24
pH, ед.	6,56 ± 0,004	6,56 ± 0,003	6,57 ± 0,003
СК, тыс/мл	152,52 ± 24,45	144,43 ± 15,4	152,32 ± 15,90

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ C/C в сравнении с C/G и G/G; ² C/C в сравнении с G/G; ³ G/G и C/G в сравнении с C/C.

Анализ влияния полиморфизма гена гормона роста (*bGH*) на основные показатели молочной продуктивности выявил, что коровы с генотипом C/C показали самый высокий удой за лактацию, который составил 6907,84 кг. Этот показатель был выше, чем у гетерозиготных животных C/G (на 258,55 кг или 3,9%) и у гомозиготных по аллелю G (генотип G/G) на 393,03 кг (на 6,0%) ($p < 0,05$). При этом по процентному содержанию жира и белка значимых различий между группами не установлено, однако наблюдалась тенденция к более низким значениям у высокопродуктивной группы C/C. Закономерно, что валовый выход молочных компонентов был максимальным у коров с генотипом C/C. Выход жира у них составил 374,97 кг, что на 15,03 кг (на 4,2%) больше, чем у группы G/G. Аналогично, выход белка (282,05 кг) у животных с генотипом C/C был на 15,34 кг (на 5,8%) больше, чем у сверстниц с генотипом G/G.

При изучении детального состава молока была выявлена обратная зависимость. Животные с генотипами C/G и G/G достоверно ($p < 0,05$) превосходили ко-

ров с генотипом С/С по содержанию общего сухого обезжиренного остатка (СОМО общ.) на 0,24% и 0,28% соответственно. Аналогичная картина наблюдалась и для содержания казеина: у носителей аллеля G (генотипы С/G и G/G) значение было на 0,05-0,06% выше. Содержание лактозы между группами значимо не различалось.

В отличие от полиморфизма p.Leu127Val (rs41923484) в гене гормона роста (*bGH*), полиморфизм p.Pro67His (rs43703011) гена *CASB* в большей степени взаимосвязан с качественными и технологическими свойствами молока (таблица 23).

Анализ влияния полиморфизма гена бета-казеина на основные показатели молочной продуктивности выявил его преимущественное влияние на качественные, а не количественные характеристики молока. В отличие от полиморфных вариантов гена *bGH*, полиморфизм p.Pro67His (rs43703011) гена *CASB* не выявил достоверных ассоциаций с показателями удою за лактацию, хотя у носителей генотипа С/А он был на 106,24 кг выше, чем у сверстниц с генотипом С/С. По процентному содержанию жира и белка значимых различий между группами также не установлено, что привело к практически идентичному валовому выходу молочного жира. Однако, за счет тенденции к более высокому удою, коровы с генотипом С/А показали высокий выход белка, который составил 274,46 кг. Это на 7,0 кг (или 2,6%) больше, чем у животных с генотипом С/С ($p < 0,05$).

При изучении детального состава молока была выявлена обратная зависимость, где животные с генотипом С/С, уступая по выходу белка, показали более высокие значения по качественным и технологическим показателям. Так, коровы с генотипом С/С превосходили группу С/А по содержанию сухого обезжиренного остатка (СОМО обж.) на 0,07% и общего СОМО (СОМО общ.) на 0,20% ($p < 0,05$). Аналогичная ситуация наблюдалась и для содержания казеина: у животных-носителей генотипа С/С его концентрация была на 0,05% выше, чем у коров генотипа С/А. Содержание лактозы между группами значимо не различалось.

Таблица 23 – Показатели молочной продуктивности и состава молока в зависимости от генотипа гена *CASB* (M±m)

Показатель	Генотипы		
	C/A (n=278)	C/C (n=81)	A/A ¹ (n=2)
Удой, кг	6674,52 ± 47,10	6568,28 ± 81,93	6720,50 ± 312,5
Жир, %	5,49 ± 0,03	5,61 ± 0,06	6,07 ± 0,67
Белок, %	4,12 ± 0,01	4,08 ± 0,02	4,22 ± 0,01
Выход жира, кг	365,03 ± 2,44	366,95 ± 4,64	406,16 ± 26,37
Выход белка, кг	274,46 ± 1,81* ²	267,49 ± 2,85	283,89 ± 12,19
Лактоза, %	4,86 ± 0,006	4,86 ± 0,01	4,78 ± 0,14
СОМО обзж., %	9,94 ± 0,01	10,01 ± 0,03* ³	10,09 ± 0,15
СОМО общ., %	15,30 ± 0,04	15,50 ± 0,07* ³	15,93 ± 0,57
Казеин, %	3,38 ± 0,01	3,43 ± 0,02* ³	3,55 ± 0,005
Показатели здоровья и метаболизма			
Ацетон, ммоль/л	-0,007 ± 0,001	-0,019 ± 0,003* ³	-0,031 ± 0,016
Бета-гидроксибутират, ммоль/л	0,013 ± 0,001	0,003 ± 0,002	0,009 ± 0,018
Мочевина, мг/100 мл	42,61 ± 0,17	43,07 ± 0,31	43,71 ± 0,76
pH, ед.	6,56 ± 0,002	6,57 ± 0,004	6,54 ± 0,07
СК, тыс/мл	149,06 ± 11,90	150,07 ± 19,09	91,44 ± 21,55

Примечание: * $p < 0,05$; ¹ группа A/A (n=2) исключена из статистического анализа и представлена справочно; ² C/A в сравнении с C/C; ³ C/C в сравнении с C/A.

Установлено различие между группами по содержанию ацетона в молоке: у животных с генотипом C/C данный показатель был значимо ниже (-0,019 ммоль/л), чем у носителей генотипа C/A (-0,007 ммоль/л), что может свидетельствовать о более стабильном энергетическом обмене ($p < 0,05$). По остальным исследуемым маркерам (уровню кетоновых тел (бета-гидроксибутират), мочевины и кислотности (pH)) статистически значимых различий между группами не выявлено. Количество соматических клеток в молоке коров двух групп было практически идентичным и находилось на низком, благополучном уровне (149-150 тыс/мл). Отсутствие различий по этому ключевому индикатору здоровья вымени подтверждает, что выявленные преимущества генотипа C/C в качественном составе молока обусловлены именно генетическими факторами, а не влиянием субклинических воспалительных процессов.

Анализ ассоциаций комплексных генотипов генов гормона роста (*bGH*) и бета-казеина (*CASB*) на молочную продуктивность позволил выявить их различное взаимодействие, определяющее как количественные, так и качественные параметры молока (таблица 24).

Таблица 24 – Показатели молочной продуктивности коров в зависимости от комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* ($M \pm m$)

Генотип	n	Показатели продуктивности				
		Удой, кг	Жир, %	Белок, %	Выход жира, кг	Выход белка, кг
<i>bGH^{C/G}CASB^{C/A}</i>	122	6673,30±74,89	5,48±0,04	4,12±0,01	363,95±3,72	274,89±2,85
<i>bGH^{C/G}CASB^{C/C}</i>	31	6550,22±119,39	5,72±0,10* ²	4,13±0,03* ³	373,14±7,41	270,38±4,19
<i>bGH^{C/C}CASB^{C/A}</i>	62	6920,29±98,28* ¹	5,42±0,06	4,10±0,02	373,25±4,78* ⁴	283,28±3,56* ⁵
<i>bGH^{C/C}CASB^{C/C}</i>	10	6830,70±307,55	5,68±0,14	4,03±0,04	385,67±13,84	274,44±10,24
<i>bGH^{G/G}CASB^{C/A}</i>	94	6514,0,1±72,05	5,55±0,05	4,11±0,01	361,01±4,33	268,08±2,93
<i>bGH^{G/G}CASB^{C/C}</i>	40	6516,67±115,83	5,50±0,08	4,05±0,03	357,47±6,34	263,51±4,04

Примечание: группа *bGH^{C/G}CASB^{A/A}* (n=2) исключена из статистического анализа;

¹ *bGH^{C/C}CASB^{C/A}* в сравнении с *bGH^{G/G}CASB^{C/A}*, *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*, *bGH^{C/G}CASB^{C/C}*, *bGH^{C/G}CASB^{C/A}*;

² *bGH^{C/G}CASB^{C/C}* в сравнении с *bGH^{C/C}CASB^{C/A}*, *bGH^{C/G}CASB^{C/A}*;

³ *bGH^{C/G}CASB^{C/C}* в сравнении с *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*, *bGH^{C/C}CASB^{C/C}*;

⁴ *bGH^{C/C}CASB^{C/A}* в сравнении с *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*;

⁵ *bGH^{C/C}CASB^{C/A}* в сравнении с *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*, *bGH^{G/G}CASB^{C/A}*, *bGH^{C/G}CASB^{C/C}*.

Было установлено, что наиболее желательным для максимизации удоя является сочетание генотипов *bGH^{C/C}CASB^{C/A}*. Коровы с этой комбинацией показали самый высокий удой за лактацию (6920,29 кг). Этот показатель был на 406 кг, или на 6,2% больше ($p < 0,05$), чем у животных с генотипами *bGH^{G/G}*, которые демонстрировали наименьшую молочность.

При анализе качественного состава молока выявлена противоположная закономерность. Максимальное содержание жира было зафиксировано у коров с генотипом *bGH^{C/G}CASB^{C/C}* и составило 5,72%. Это на 0,30% абс. больше, чем у группы *bGH^{C/C}CASB^{C/A}* (5,42%), и на 0,24% абс. больше, чем у гетерозигот *bGH^{C/G}CASB^{C/A}* (5,48%) ($p < 0,05$). По содержанию белка также лидировали животные с генотипом *bGH^{C/G}CASB^{C/C}* (4,13%), превосходя группы *bGH^{C/C}CASB^{C/C}* и *bGH^{G/G}CASB^{C/C}* на 0,10 и 0,08% соответственно ($p < 0,05$).

Наиболее полно селекционную ценность отражает валовый выход молочных компонентов. По выходу молочного белка лидерами были коровы с комплексным генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/A}*, которые произвели 283,28 кг. Этот результат был на 19,77 кг, или на 7,5% выше ($p < 0,05$), чем у группы *bGH^{G/G}CASB^{C/C}*, имевшей наименьший показатель. В то же время по выходу молочного жира наилучший результат (385,67 кг) был у коров с генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/C}*, что стало

следствием сочетания высокого удоя и хорошей жирности. Они превосходили группу $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$, имевшую наименьший выход жира, на 28,2 кг, или на 7,9% ($p < 0,05$).

Установлено, что для максимизации валового удоя и выхода белка наиболее перспективным является генотип $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$, в то время как для производства молока с максимальной концентрацией жира и белка преимущество имеют животные с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$.

Таким образом, подтверждена взаимосвязь между генотипом, типом телосложения и молочной продуктивностью. Наибольший удой показали коровы пропорционального (мезосомного) типа. Установлено, что формирование этого оптимального типа чаще происходит у носителей высокопродуктивного аллеля *S* гена *bGH*. В то же время, животные с комплексным генотипом $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$, который ассоциирован с низкой молочной продуктивностью, чаще относятся к лептосомному и эйрисомному типам телосложения.

Анализ детального состава молока выявил статистически значимую ассоциацию комплексных генотипов с содержанием белковых фракций и сухих веществ в сыром молоке (таблица 25).

Таблица 25 – Показатели состава молока в зависимости от комплексных генотипов генов *bGH* и *CASB* ($M \pm m$, %)

Генотип	n	Показатели			
		Лактоза	СОМО обж.	СОМО общ.	Казеин
$bGH^{C/G}CASB^{C/A}$	122	4,85 ± 0,008	9,95 ± 0,02	15,31 ± 0,06	3,39 ± 0,01
$bGH^{C/G}CASB^{C/C}$	31	4,85 ± 0,01	10,06 ± 0,04* ¹	15,65 ± 0,12* ²	3,48 ± 0,03* ¹
$bGH^{C/C}CASB^{C/A}$	62	4,86 ± 0,01	9,90 ± 0,03	15,09 ± 0,10	3,34 ± 0,02
$bGH^{C/C}CASB^{C/C}$	10	4,89 ± 0,03	9,95 ± 0,05	15,47 ± 0,18	3,36 ± 0,04
$bGH^{G/G}CASB^{C/A}$	94	4,86 ± 0,01	9,97 ± 0,02	15,44 ± 0,07	3,40 ± 0,02
$bGH^{G/G}CASB^{C/C}$	40	4,86 ± 0,01	9,99 ± 0,04	15,39 ± 0,11	3,41 ± 0,03

Примечание: группа $bGH^{C/G}CASB^{A/A}$ (n=2) исключена из статистического анализа;

¹ $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$, $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$, $bGH^{G/G}CASB^{C/A}$;

² $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ в сравнении с $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$, $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$.

По содержанию казеина, основного белка, формирующего сырный сгусток, животные с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ имели самый высокий показатель 3,48%. Это было на 0,14 абс. % больше, чем у коров с генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ (3,34%), и на 0,09% больше, чем у гетерозигот $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$ (3,39%) ($p < 0,05$).

Эта же закономерность прослеживалась и для других показателей. По содержанию сухого обезжиренного молочного остатка (СОМО) группа животных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ (10,06%) превосходила группы коров с генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ и $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$ на 0,16% и 0,11% соответственно ($p < 0,05$). По общему содержанию сухих веществ (СОМО общ.), преимущество лидирующей группы было еще более выраженным. Так, их показатель 15,65% был на 0,56% больше, чем у группы $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ (15,09%), и на 0,34% выше, чем у группы животных с генотипом $bGH^{C/G}CASB^{C/A}$ (15,31%) ($p < 0,05$). По содержанию лактозы статистически значимых различий между генотипическими группами выявлено не было.

Таким образом, установлено, что комплексный генотип $bGH^{C/G}CASB^{C/C}$ ассоциирован с максимальной концентрацией казеина и сухих веществ в молоке.

По основным маркерам, таким как бета-гидроксибутират, мочевины, рН и количество соматических клеток, статистически значимых различий между группами не установлено, и все показатели находились в пределах физиологической нормы. Это свидетельствует о том, что селекция по желательным комплексным генотипам может быть направлена на улучшение продуктивности и качества молока.

Результаты, полученные для гена bGH , где животные с генотипом C/C показали самый высокий удой, но более низкие проценты жира и белка, что было отражено в статье С.А. Олейник и А.В. Лесняк (2025), находят прямое подтверждение в работе С. Dario с соавт. (2008), проведенной также на джерсейской породе в Италии. В их исследовании коровы с генотипом Leu/Leu (в нашей работе генотип C/C) имели достоверно более высокий суточный удой (22,76 кг против 16,96 кг у гетерозигот), но при этом более низкое содержание белка (3,84% против 4%) и тенденцию к снижению жирности (4,63% против 4,96%). Это полное совпадение результатов подчеркивает стабильность и значимость выявленной нами ассоциации для джерсейской породы.

В то время как мы изучали ген гормона роста (bGH), О. Cobanoglu с соавт. (2021) исследовали ген его рецептора (GHR) у турецкого джерсейского скота. Они

обнаружили, что генотип G/G был ассоциирован с более высоким содержанием жира (5,24%, $p < 0,05$) и белка (3,44%, $p < 0,05$). Это указывает на сложную регуляторную систему, где полиморфизмы как в самом гормоне, так и в его рецепторе вносят вклад в формирование конечного фенотипа молока.

Влияние гена бета-казеина на качественные показатели молока, выявленное в нашей работе, может быть расширено данными L. Ben Farhat с соавт. (2023). Они также исследовали джерсейскую породу и установили, что полиморфизм A1/A2 влияет не столько на общее содержание жира, сколько на его жирнокислотный состав. В частности, молоко от коров с генотипом A2A2 имело достоверно ($p < 0,001$) более высокое содержание полиненасыщенных жирных кислот. Таким образом, селекция на A2-молоко, проводимая в хозяйстве, вероятно, не только меняет белковый состав, но и неосознанно влияет на профиль жирных кислот, повышая пищевую ценность конечного продукта.

Понимание того, как гормон роста влияет на синтез казеинов, было углублено в работе A. Wang с соавт. (2024). Они показали, что сигнальный путь, активируемый гормоном роста, через транскрипционный фактор STAT5A напрямую и чрезвычайно сильно (увеличение экспрессии в 100 000 раз) активирует гены $\alpha 1$ – и $\alpha 2$ -казеинов. Это объясняет, почему полиморфизмы в гене *bGH* так тесно связаны с выходом молочного белка и почему комплексные генотипы, сочетающие благоприятные аллели генов *bGH* и *CASB*, демонстрируют такой выраженный синергетический эффект, как было установлено в нашем исследовании на примере генотипа *bGH^{CC}CASB^{CA}*.

3.5. Характеристика генетического разнообразия популяции по STR-маркерам и их ассоциация с хозяйственно-полезными признаками

Генетическое разнообразие является фундаментальным свойством популяций, обеспечивающим их адаптивность и устойчивость к меняющимся условиям окружающей среды. В животноводстве, особенно в молочном скотоводстве, понимание генетической структуры популяций и выявление связей между генетиче-

скими вариантами и хозяйственно-полезными признаками играет ключевую роль в селекции и улучшении продуктивности (ФАО, 2010). Микросателлиты, или STR (short tandem repeats), благодаря своей высокой полиморфности и легкости анализа, широко используются как в популяционных исследованиях, так и в селекции сельскохозяйственных животных (А.А. Egito, 2007).

Микросателлитные маркеры позволяют оценивать генетическое разнообразие, включая такие показатели, как наблюдаемое и эффективное число аллелей, гетерозиготность и индекс информативности Шеннона (М. Konopiński, 2020; В.М. Кузнецов, 2022). Эти показатели помогают охарактеризовать генетическую изменчивость в популяции и ее структуру (S.K. Vora, T.S. Tessema, G. Girmay, 2023; D. Hariyono, 2022; R. Sharma и др., 2023). Кроме того, анализ микросателлитов позволяет выявлять отклонения от равновесия Харди-Вайнберга, что может указывать на действие различных факторов (В.М. Кузнецов, 2014).

Анализ генетической структуры проводился на выборке, включающей 2382 уникальных генотипа джерсейской породы (таблица 26).

Таблица 26 – Результаты теста χ^2 на соответствие равновесию Харди-Вайнберга (n = 2382)

Локус	DF	ChiSq (χ^2)	Prob	Signif
TGLA227	45	26,870	0,985	ns
BM2113	21	273,172	0,000	***
TGLA53	66	2411,601	0,000	***
ETH10	28	2406,740	0,000	***
CSRM60	66	68,795	0,383	ns
SPS115	21	70,631	0,000	***
TGLA122	21	34,809	0,030	*
BM1818	15	39,478	0,001	***
CSSM66	91	2458,275	0,000	***
BM1824	15	2438,089	0,000	***
ETH3	15	15,061	0,447	ns
TGLA126	6	7,921	0,244	ns
ETH225	15	18,997	0,214	ns
INRA023	28	79,581	0,000	***
ILSTS006	28	40,300	0,062	ns
HAUT27	45	200,875	0,000	***

Примечание: DF – число степеней свободы; ChiSq – значение χ^2 ; Prob – p-значение; Signif – уровень значимости; ns – различия несущественны (p > 0,05); * p < 0,05; *** p < 0,001.

Для оценки генетической стабильности и выявления факторов, влияющих на структуру популяции, был проведен тест на соответствие распределения частот генотипов генетическому равновесию Харди-Вайнберга (РХВ). Результаты теста хи-квадрат (χ^2) для 16 STR-локусов представлены в

Анализ распределения частот генотипов показал, что 10 из 16 исследуемых локусов (BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, BM1818, CSSM66, BM1824, INRA023, HAUT27) демонстрируют статистически значимое отклонение от равновесия Харди-Вайнберга. В то же время, 6 локусов (TGLA227, CSRM60, ETH3, TGLA126, ETH225, ILSTS006) находятся в состоянии, близком к равновесному ($p > 0,05$).

Такое масштабное отклонение от РХВ является ожидаемым и информативным результатом для популяции, находящейся под интенсивным селекционным давлением. Равновесие Харди-Вайнберга предполагает идеальные условия, включая случайное скрещивание и отсутствие отбора, что невыполнимо в условиях современного племенного животноводства.

Для всесторонней оценки генетической архитектуры исследуемой популяции был проведен расчет ключевых параметров полиморфизма по 16 микросателлитным локусам (таблица 27).

В исследуемой популяции было обнаружено высокое аллельное разнообразие. Общее число аллелей (N_a) варьировало от 4 (для TGLA126) до 14 (для CSSM66), при среднем значении 8,188. Это свидетельствует о широком спектре генетических вариантов, циркулирующих в стаде, что является основой для успешной селекции. Однако более показательным является эффективное число аллелей (N_e), которое учитывает их частоты. Здесь диапазон значений был от 1,423 (для BM2113) до 4,164 (для CSRM60) при среднем значении 2,975. Низкое значение N_e для локуса BM2113 указывает на наличие одного доминирующего аллеля, в то время как высокий показатель для CSRM60 говорит о более равномерном распределении частот нескольких аллелей, что делает его наиболее информативным для оценки генетического разнообразия.

Таблица 27 – Показатели генетического разнообразия и полиморфизма по 16 STR-локусам (n = 2382)

Локус	Na	Ne	I	Ho	He	Fis
TGLA227	10,000	3,326	1,347	0,712	0,699	-0,019
BM2113	7,000	1,423	0,615	0,302	0,297	-0,018
TGLA53	12,000	3,061	1,240	0,706	0,673	-0,048
ETH10	8,000	3,627	1,377	0,746	0,724	-0,031
CSRM60	12,000	4,164	1,505	0,788	0,760	-0,036
SPS115	7,000	3,033	1,268	0,723	0,670	-0,078
TGLA122	7,000	3,061	1,294	0,695	0,673	-0,033
BM1818	6,000	2,938	1,326	0,673	0,660	-0,020
CSSM66	14,000	2,982	1,383	0,677	0,665	-0,019
BM1824	6,000	2,222	1,018	0,593	0,550	-0,078
ETH3	6,000	1,607	0,614	0,404	0,378	-0,069
TGLA126	4,000	2,801	1,175	0,653	0,643	-0,016
ETH225	6,000	3,163	1,295	0,688	0,684	-0,006
INRA023	8,000	3,512	1,477	0,742	0,715	-0,037
ILSTS006	8,000	3,401	1,414	0,714	0,706	-0,011
HAUT27	10,000	3,273	1,267	0,714	0,695	-0,028
Среднее значение по всем локусам	8,188	2,975	1,149	0,658	0,637	-0,034

Примечание: Na – число аллелей; Ne – эффективное число аллелей; I – информационный индекс Шеннона; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; Fis – индекс фиксации Райта.

Средний уровень наблюдаемой гетерозиготности ($H_o = 0,658$) оказался выше ожидаемой ($H_e = 0,637$). Это является важным индикатором состояния популяции. Превышение наблюдаемой гетерозиготности над ожидаемой напрямую отражается в отрицательном значении индекса фиксации Райта (F_{IS}), среднее значение которого по всем локусам составило $-0,034$. Отрицательный F_{IS} указывает на избыток гетерозигот в популяции по сравнению с тем, что ожидалось бы при случайном скрещивании. Это является прямым свидетельством эффективной селекционно-племенной работы, направленной на предотвращение инбридинга и поддержание генетического разнообразия через подбор неродственных пар.

Информационный индекс Шеннона (I) является комплексным показателем, отражающим как количество аллелей, так и равномерность их распределения. Среднее значение индекса составило 1,149. Высокое значение индекса было зафиксировано для локуса CSRM60 (1,505), что подтверждает его максимальную информативность. Наименее информативными оказались локусы ETH3 (0,614) и BM2113 (0,615), что связано с сильным доминированием одного-двух аллелей в

этих локусах. Высокое среднее значение индекса по всем локусам говорит о том, что выбранная панель маркеров является высокоэффективной для решения задач по идентификации животных и контролю происхождения.

Помимо средних показателей генетического разнообразия, был проведен анализ распределения индивидуальной мультилокусной гетерозиготности (MLH) среди всех животных исследуемой популяции. Гистограмма частотного распределения данного показателя представлена на рисунке 7.

Анализ распределения индивидуальной гетерозиготности показал, что данный признак имеет нормальное распределение со смещением влево. Большинство животных (более 1700 голов, или свыше 70%) имеют уровень гетерозиготности в диапазоне от 0,50 до 0,80. Пик распределения приходится на интервал 0,60 – 0,65, где находится более 500 животных, что близко к среднему значению наблюдаемой гетерозиготности ($H_o = 0,658$).

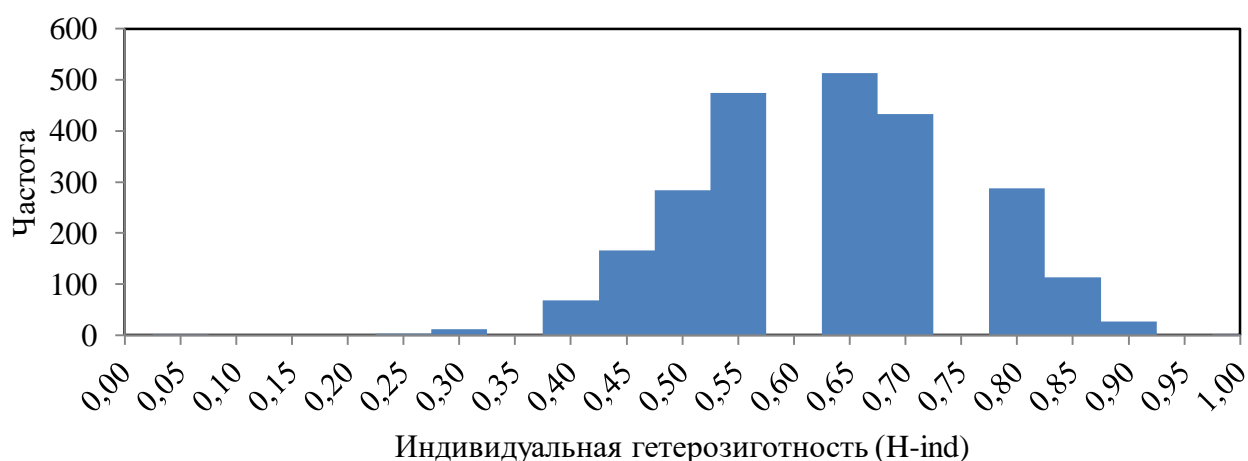


Рисунок 7 – Распределение индивидуальной гетерозиготности (MLH) исследуемого поголовья джерсейского скота ($n = 2382$).

Наличие длинного левого "хвоста" гистограммы указывает на присутствие в стаде небольшой группы животных с низкой гетерозиготностью ($MLH < 0,40$). С другой стороны, правый "хвост" распределения, включающий животных с очень высокой гетерозиготностью ($MLH > 0,85$), значительно короче, что свидетельствует об общей генетической гомогенности исходного племенного материала.

Форма распределения подтверждает выводы об эффективном управлении стадом: большинство животных поддерживаются на оптимальном, высоком

уровне гетерозиготности, в то время как особи с крайне низкими или экстремально высокими показателями встречаются редко.

Полученные нами показатели генетического разнообразия ($H_o = 0,658$, $H_e = 0,637$) значительно превышают данные по североамериканским популяциям джерсейской породы, где H_o и H_e составляли 0,26 и 0,36 соответственно (M. G. Melka, F. S. Schenkel, 2012), но очень близки к показателям исторической популяции с острова Джерси ($H_o = 0,63$, $H_e = 0,64$) (L. Chikhi и др., 2004). Это позволяет сделать вывод, что исследуемая локальная популяция на Северном Кавказе, несмотря на ее географическую удаленность, сохранила высокий уровень исходного генетического разнообразия, характерный для породы в центре ее происхождения. Это делает данное стадо уникальным и ценным генетическим ресурсом.

3.5.1. Ассоциация аллельных вариантов STR-локусов с ростовыми характеристиками молодняка джерсейской породы

В молочном скотоводстве особое внимание уделяется изучению генетической структуры пород и выявлению ассоциаций между генетическими маркерами и продуктивными признаками (K. Stachowicz и др., 2011). Исследования показывают, что микросателлитные маркеры могут быть связаны с такими важными показателями, как молочная продуктивность, живая масса и состав молока (Y. Li и др., 2023). Понимание этих связей может способствовать более эффективной геномной селекции и улучшению пород (A. Al-Khudhair и др., 2021; V. Luštrek и др., 2021).

В частности, для джерсейской породы, которая является объектом многих исследований, изучение генетического разнообразия и его связи с продуктивными признаками имеет большое значение (O. Opoola и др., 2023; K. Srikanth и др., 2023; З.С. Санова, 2021).

Основой для данного этапа работы послужили наши предыдущие исследования, в которых была продемонстрирована потенциальная связь ряда микросателлитных маркеров с интенсивностью роста телок джерсейской породы в ранний период (до 6 месяцев) (С.А. Олейник, А.В. Лесняк, 2025). Целью настоящего ана-

лиза стало расширение и углубление этих данных: мы проследили влияние генотипов на всю кривую роста вплоть до 12-месячного возраста. (таблица 28).

Таблица 28 – Ассоциация генотипов STR-локусов с показателями роста молодняка джерсейской породы (n = 1517)

Локус	Генотип	Макс. показатель	Генотип	Мин. показатель	F-критерий	η^2 , %	Разница (абс.)	Разница (%)
Живая масса при рождении, кг								
BM2113	135/135	24,33	133/135	23,51	3,27*	12,5	0,82	3%
ETH10	219/219	26,64	213/215	20,00	4,73*	5,8	6,64	33%
CSRM60	96/102	24,94	92/92	23,37	3,00*	4,3	1,57	7%
SPS115	248/254	24,97	248/248	23,35	3,09*	7,6	1,62	7%
TGLA122	149/169	25,56	143/161	21,73	3,61*	6,2	3,83	18%
BM1818	266/266	24,52	260/266	23,71	1,75*	7,6	0,81	3%
HAUT27	154/154	24,91	146/150	22,68	4,12*	5,5	2,23	10%
TGLA126	117/117	24,97	115/115	23,11	8,18*	11,1	1,86	8%
INRA023	206/208	25,13	198/198	23,46	2,24*	3,4	1,67	7%
Живая масса в 3 месяца, кг								
ETH10	219/219	91,92	213/215	77,25	3,16*	5,8	14,67	19%
SPS115	248/252	89,51	252/260	86,89	3,29*	7,6	2,62	3%
HAUT27	154/154	90,81	150/154	85,41	3,45*	5,5	5,40	6%
TGLA126	117/117	89,87	117/123	87,25	4,19*	11,1	2,62	3%
ETH225	148/150	90,17	144/148	87,36	2,37*	7,1	2,81	3%
INRA023	206/208	90,25	198/198	86,07	3,36*	3,4	4,18	5%
ILSTS006	288/292	91,01	292/292	86,14	3,58*	4,7	4,87	6%
Живая масса в 6 месяцев, кг								
TGLA227	93/93	164,81	81/81	159,14	1,98*	4,1	5,67	4%
CSSM66	185/189	171,3	181/187	151,09	2,18*	3,4	20,21	13%
ILSTS006	288/292	166,88	294/294	159,61	3,15*	4,7	7,27	5%
Живая масса в 10 месяцев, кг								
TGLA227	93/93	241,92	81/81	234,25	1,98*	4,1	7,67	3%
CSSM66	185/189	248,5	181/187	219,09	2,22*	3,4	29,41	13%
Живая масса в 12 месяцев, кг								
TGLA227	93/93	305,86	81/81	296,71	1,85*	4,1	9,15	3%
SPS115	252/252	306,18	248/248	295,35	3,03*	7,6	10,83	4%
HAUT27	148/148	304,85	146/150	291,06	2,57*	5,5	13,79	5%
CSSM66	185/189	310,4	181/187	272,36	3,21*	3,4	38,04	14%
TGLA126	115/117	304,9	123/123	289,42	4,89*	11,1	15,48	5%
ILSTS006	292/294	303,23	286/292	296,99	2,51*	4,7	6,24	2%

Примечание. * - $p < 0,05$; значения F, P и η^2 относятся к общему влиянию локуса. Значения продуктивности и их разница рассчитаны для наиболее контрастных генотипических групп по результатам post-hoc теста Тьюки ($p < 0,05$).

С целью выявления генетических маркеров, ассоциированных с ростовыми характеристиками, была проведена оценка связи полиморфизма 16 STR-локусов с живой массой молодняка джерсейской породы в ключевые возрастные периоды.

В результате анализа было установлено, что 12 из 16 исследованных локусов показали статистически значимую ($p < 0,05$) ассоциацию с показателями роста, что свидетельствует о их возможном сцеплении с генами или локусами количественных признаков (QTL), контролирующими данные признаки.

Наиболее сильная ассоциация с живой массой при рождении была установлена для локуса ETH10. Разница между животными с наиболее желательным генотипом (219/219) и наименее желательным (213/215) достигла 6,64 кг, что составляет 33 %. Также значимые связи были выявлены для локусов TGLA122 и HAUT27, где максимальная амплитуда показателей составила 3,83 кг (18%) и 2,23 кг (10%) соответственно. Доля вариации признака, объясняемая данными локусами (η^2), варьировала от 3,4% до 12,5%, подтверждая их значимость как потенциальных маркеров.

Ассоциация локуса ETH10 с живой массой сохранилась и в возрасте трех месяцев, где разница между носителями генотипа 219/219 и 213/215 составила 14,67 кг (19%). Наряду с ним, значимую связь с живой массой в этом возрасте показали локусы HAUT27, ILSTS006 и INRA023, обеспечивая разницу между контрастными генотипическими группами от 4,18 кг до 5,40 кг. Это указывает на то, что данные маркеры могут быть эффективны для отбора животных с высоким потенциалом в раннем возрасте.

При оценке живой массы в более поздние возрастные периоды (6, 10 и 12 месяцев) был выявлен ряд маркеров с устойчивой ассоциацией. Лocus CSSM66, показал нарастающее превосходство одного генотипа над другим. Носители генотипа 185/189 превосходили сверстников с генотипом 181/187 на 20,21 кг (13%) в 6 месяцев, на 29,41 кг (13%) в 10 месяцев и на 38,04 кг (14%) в годовалом возрасте. Также стабильная, но менее выраженная связь с ростом в период с 6 до 12 месяцев была характерна для локуса TGLA227.

Таким образом, проведенный анализ позволил идентифицировать ряд STR-локусов, обладающих высоким потенциалом для использования в маркер-ассоциированной селекции. Наиболее информативными маркерами, характеризующимися высокой степенью сопряженности с интенсивностью роста молодняка,

выступают локусы ETH10 (для раннего периода развития), а также CSSM66 и TGLA227 (для периода от 6 до 12 месяцев).

В дополнение к анализу живой массы, была проведена оценка ассоциаций полиморфизма STR-локусов с интенсивностью роста, выраженной через среднесуточные приросты в различные возрастные периоды. Установлено, что ряд маркеров имеет статистически значимую ($p < 0,05$) связь с данным показателем, причем их значимость варьирует в зависимости от этапа развития животных (таблица 29).

Таблица 29 – Ассоциация генотипов STR-локусов с показателями среднесуточных приростов ($n = 1517$)

Локус	Гено-тип	Макс. по-казатель	Гено-тип	Мин. по-казатель	F-критерий	η^2 , %	Разница (абс.)	Разница (%)
Среднесуточный прирост живой массы в период 0-3 месяцев, г								
SPS115	248/252	721,88	252/260	698,07	2,63*	7,6	23,81	3%
ETH225	148/150	733,4	144/148	703,12	2,81*	7,1	30,28	4%
Среднесуточный прирост живой массы в период 3-6 месяцев, г								
ILSTS006	292/294	836,59	286/292	803,27	2,04*	4,7	33,32	4%
Среднесуточный прирост живой массы в период 10-12 месяцев, г								
SPS115	252/254	1143,46	248/248	962,31	5,61*	7,6	181,15	19%
TGLA126	115/115	1085,51	117/121	969,8	6,26*	11,1	115,71	12%
ILSTS006	292/294	1070,52	286/292	986,16	2,67*	4,7	84,36	9%

Примечание. * - $p < 0,05$; значения F, P и η^2 относятся к общему влиянию локуса. Значения продуктивности и их разница рассчитаны для наиболее контрастных генотипических групп по результатам post-hoc теста Тьюки ($p < 0,05$).

В ранний период роста, от рождения до 3-х месяцев, значимая ассоциация с интенсивностью роста была выявлена для локусов SPS115 и ETH225. Разница по среднесуточному приросту у носителей наиболее желательных генотипов над сверстниками с наименее желательными составила 23,81 г и 30,28 г в сутки соответственно. Однако, несмотря на статистическую достоверность, относительная разница была умеренной и не превышала 3-4%. В следующий возрастной период, с 3 до 6 месяцев, единственным маркером, показавшим значимую связь с приростами, оказался ILSTS006, где разница между контрастными группами составила 33,32 г (4%).

Наиболее выраженные ассоциации были выявлены в заключительный период роста, с 10 до 12 месяцев, что указывает на наличие генов, контролирующих

компенсаторный рост. Ключевыми маркерами для этого периода стали локусы SPS115 и TGLA126. Для локуса SPS115 разница в среднесуточном приросте между носителями генотипов 252/254 и 248/248 достигла 181,15 г, что составило 19%. Лocus TGLA126, обладающий наибольшей силой связи ($\eta^2 = 11,1\%$), также продемонстрировал существенную разницу в 115,71 г (12%) между контрастными генотипами. Значимая ассоциация была характерна и для локуса ILSTS006, где превосходство лучшей группы составило 84,36 г (9%).

Таким образом, локусы ETH225 и SPS115 могут служить маркерами интенсивности роста в ранний период, тогда как SPS115, TGLA126 и ILSTS006 могут рассматриваться как перспективные маркеры для прогнозирования скорости роста молодняка в период после 10 месяцев. Полученные результаты расширяют панель генетических маркеров, пригодных для использования в селекционных программах, позволяя проводить отбор не только по итоговой живой массе, но и по желательной динамике ее набора на разных этапах выращивания.

Лocus BM1818, ассоциированный с живой массой при рождении, расположен на BTA23. Этот хромосомный регион известен как содержащий QTL для роста. В частности, J. Kneeland с соавт. (2004) в своей работе по картированию QTL в коммерческой линии скота также выявили ассоциации в этом регионе BTA23 с показателями роста, фланкированные маркером BM1818. В исследовании A. Kramarenko и S. Kramarenko (2020) на южной мясной породе было показано, что аллель 258 этого локуса является маркером интенсивного раннего роста, что напрямую перекликается с нашими результатами, где генотипы 258/262 и 258/266 демонстрировали пиковые приросты. Это частичное совпадение свидетельствует о том, что locus BM1818, вероятно, тесно сцеплен с генами, оказывающими существенное влияние на интенсивность роста, и его отдельные аллели могут иметь стабильную ассоциацию с признаком даже в генетически удаленных породах.

Лocus ETH10, который в наших данных был ассоциирован с живой массой при рождении и в 3 месяца, находится на BTA5. Эта хромосома интенсивно изучалась многими исследователями. В своей работе A. Rogberg-Muñoz с соавт. (2011) на герефордской породе установили ассоциацию ETH10 с живой массой

при рождении и отъеме. Также, K.L. DeAtley с соавт. (2011) подтвердили связь этого локуса с ростом у помесей ангуса и брахмана. Предполагается, что эффект маркера ETH10 обусловлен его расположением в промоторной области гена STAT6, играющего важную роль в клеточных сигнальных путях.

3.5.2. Ассоциация аллельных вариантов STR-локусов с показателями молочной продуктивности коров-первотелок

Параллельно был проведен анализ влияния изучаемых маркеров на признаки молочной продуктивности у 885 коров-первотелок. Для выявления генетических маркеров хозяйственно-полезных признаков была проведена оценка ассоциаций STR-локусов с показателями молочной продуктивности коров-первотелок. В ходе анализа установлена статистически значимая ($p < 0,05$) связь ряда маркеров как с количественными, так и с качественными характеристиками молока (таблица 30).

Таблица 30 – Ассоциация генотипов STR-локусов с молочной продуктивностью коров джерсейской породы ($n = 885$)

Локус	Гено-тип	Макс. значение	Гено-тип	Мин. значение	F-критерий	η^2 , %	Разница (абс.)	Разница (%)
Удой за 1 лактацию (305 дней), кг								
CSSM66	185/193	6625,05	193/197	6211,33	2,04*	3,7	413,72	7%
Жир, %								
ETH3	125/125	6,24	117/121	5,45	3,68*	11,1	0,79	14%
CSSM66	197/197	6,14	185/189	5,23	3,45*	3,7	0,91	17%
CSRM60	104/104	6,44	92/98	5,42	2,67*	5,2	1,02	19%
BM2113	135/137	6,11	133/135	5,61	2,67*	9,1	0,5	9%
BM1824	188/188	6,03	180/182	5,54	2,87*	9,1	0,49	9%

Примечание. * - $p < 0,05$; значения F, P и η^2 относятся к общему влиянию локуса. Значения продуктивности и их разница рассчитаны для наиболее контрастных генотипических групп по результатам post-hoc теста Тьюки ($p < 0,05$).

В отличие от ростовых характеристик, где было выявлено множество маркеров, с удоем за 305 дней лактации показал значимую ассоциацию только один локус CSSM66. Животные с генотипом 185/193 характеризовались максимальной молочной продуктивностью (6625 кг), в то время как носители генотипа 193/197 показали наименьший результат (6211 кг). Разница между этими контрастными группами составила 413,72 кг или 7%.

Локус CSSM66 также был тесно связан с показателями роста на поздних этапах (раздел 3.5.1), где генотип 185/189 ассоциирован с максимальной живой массой в 12 месяцев. Это указывает на возможное плейотропное действие гена, сцепленного с данным маркером, либо на тесную генетическую связь (сцепление) локусов, контролирующих как развитие организма, так и его продуктивный потенциал.

Более выраженная и множественная ассоциация была установлена для массовой доли жира в молоке, где статистически значимую связь с признаком показали сразу пять маркеров: ETH3, CSSM66, CSRM60, BM2113 и BM1824. Наибольший эффект в относительном выражении продемонстрировал локус CSRM60, где разница между наиболее контрастными генотипами (104/104 и 92/98) достигла 1,02 абсолютных процента. Наибольшей силой связи характеризовался локус ETH3, имеющий 11,1% общей вариации признака (η^2) и обеспечивший разницу в 0,79 абсолютных процентных пункта. Локус CSSM66, который связан с удоем, также показал ассоциацию с жирномолочностью, с разницей между контрастными генотипами в 0,91% абсолютных процентных пункта.

В отличие от жирномолочности, для массовой доли белка в молоке не было выявлено ни одной статистически значимой ассоциации среди исследованных 16 маркеров. Это может свидетельствовать о том, что генетический контроль содержания белка либо является еще более сложным и полигенным.

Локус BM2113 (на BTA2), ассоциированный в нашем исследовании с содержанием жира в молоке, также ранее был связан с продуктивными признаками. В работе J.J. Kim с соавт. (2003) на помесях ангуса и брахмана этот регион был идентифицирован как QTL, влияющий на живую массу при рождении. В исследовании G.Z. Yang с соавт. (2012) связывали аллели этого локуса с выходом чистого мяса и толщиной филейной части. Наши данные о влиянии BM2113 на жирность молока (разница до 1,02%) добавляют новую грань к пониманию функций этого участка генома, который, очевидно, контролирует метаболизм липидов в организме в целом, как отложение жира в мышечной ткани, так и синтез молочного жира в вымени.

3.6. Биохимические показатели сыворотки крови коров джерсейской породы

В условиях интенсивного молочного скотоводства, когда генетический потенциал животных постоянно растет, оценка состояния их здоровья и метаболизма приобретает первостепенное значение. Нарушения обмена веществ являются одним из основных факторов, препятствующих полной реализации продуктивности и приводящих к снижению рентабельности производства. Как отмечают многие исследователи, кровь является основным индикатором, раскрывающим общую картину метаболизма, поскольку она обеспечивает транспорт питательных веществ, кислорода и продуктов обмена между всеми органами и тканями (Е.В. Громыко, 2005; Л.В. Романенко и др., 2016). Таким образом, биохимический анализ сыворотки крови позволяет выявить ранние (доклинические) изменения в обмене веществ, оценить сбалансированность рациона и своевременно предпринять меры по коррекции кормления и содержания (И.Е. Иванова, М.Г. Волынкина, 2017).

Важным условием для корректной интерпретации результатов ассоциативных исследований является уверенность в том, что животные находятся в нормальном физиологическом состоянии, и их продуктивность не искажена влиянием метаболических нарушений (С.Е. Тяпугин и др., 2014). С этой целью был проведен сравнительный биохимический анализ сыворотки крови. Поскольку забор крови для биохимических исследований проводился в рамках плановых ветеринарных мероприятий (диспансеризации), в анализ были включены те животные из генотипированной выборки, чей период лактации и физиологическое состояние совпали с графиком планового мониторинга. Таким образом, была сформирована подгруппа из 76 коров (из состава выборки $n=361$). Чтобы исключить вероятность случайного попадания в выборку больных животных или животных с отклонениями, мы сравнили их показатели с контрольной группой из 350 коров (общий массив стада), обследованных в тот же период. Сравнительные результаты по ключевым метаболитам представлены в таблице 31.

Таблица 31 – Биохимические показатели сыворотки крови коров джерсейской породы ($M \pm m$, $n = 426$)

Показатель	Выборка ($n = 76$)	Контрольная группа ($n = 350$)	Физиологическая норма
Белок общий, г/л	$77,3 \pm 0,87$	$76,3 \pm 0,44$	72 – 86
Глюкоза, ммоль/л	$3,15 \pm 0,12$	$3,06 \pm 0,05$	2,20 – 3,30
Кальций, ммоль/л	$2,72 \pm 0,08$	$2,65 \pm 0,04$	2,30 – 3,20
Каротин, мкмоль/л	$1,41 \pm 0,05$	$1,36 \pm 0,02$	0,75 – 1,86
Кетоновые тела, мг%	$4,22 \pm 0,21$	$4,13 \pm 0,09$	1-8
Фосфор, ммоль/л	$1,86 \pm 0,04$	$1,91 \pm 0,02$	1,5 – 2,0

Анализ данных, представленных в таблице 30, показал метаболическую однородность и физиологическое благополучие всего исследуемого поголовья. При сравнении основной экспериментальной подгруппы ($n=76$) с более широкой фоновой выборкой ($n=350$) не было выявлено статистически значимых различий ни по одному из ключевых показателей обмена веществ. Уровень общего белка, глюкозы, макроэлементов (кальций, фосфор), каротина и кетоновых тел в обеих группах находился в пределах установленных физиологических норм. Это свидетельствует о сбалансированности рационов кормления в хозяйстве, и подтверждает, что животные, отобранные для углубленного генетического анализа, по своему метаболическому профилю являются репрезентативными представителями всего стада, что исключает систематическую ошибку выборки.

После подтверждения общего физиологического благополучия и репрезентативности выборки, следующим шагом стал анализ метаболического профиля животных в зависимости от полиморфизма генов гормона роста и бета-казеина. С этой целью биохимические показатели крови внутри основной подвыборки ($n=76$) были сгруппированы в зависимости от генотипов животных по генам *bGH* и *CASB* (таблица 32).

Анализ биохимических показателей в разрезе полиморфизмов генов *bGH* и *CASB* не выявил статистически достоверных различий между генотипическими группами. В условиях сбалансированного кормления носительство исследуемых генотипов не приводило к метаболическим сдвигам, что подтверждает реализацию высокого генетического потенциала на фоне оптимального уровня обмена веществ без признаков клинической патологии.

Таблица 32 – Биохимические показатели крови в зависимости от генотипа по генам *bGH* и *CASB* ($M \pm m$, $n=76$)

Показатель	Генотипы гена <i>bGH</i>			Генотипы гена <i>CASB</i>		Физиологическая норма
	CC (n=17)	CG (n=29)	GG (n=30)	CA (n=60)	CC (n=16)	
Белок общий, г/л	77,4±1,97	78,7±1,54	75,9±1,20	77,7±1,01	75,9±1,65	72 – 86
Глюкоза, ммоль/л	3,26±0,31	3,23±0,21	3,00±0,14	3,15±0,12	3,14±0,31	2,20 – 3,30
Кальций, ммоль/л	2,58±0,08	2,73±0,12	2,77±0,16	2,69±0,08	2,82±0,22	2,30 – 3,20
Каротин, мкмоль/л	1,55±0,08	1,38±0,07	1,38±0,09	1,40±0,05	1,46±0,12	0,75 – 1,86
Кетоновые тела, мг%	4,41±0,38	4,20±0,32	4,13±0,37	4,28±0,23	4,00±0,45	1-8
Фосфор, ммоль/л	1,81±0,09	1,82±0,07	1,91±0,07	1,86±0,05	1,82±0,08	1,5 – 2,0

Таким образом, установленные ассоциации генов с продуктивностью обусловлены их генетическим действием, а не являются следствием скрытых нарушений гомеостаза, что отличает их от ситуаций, описанных в ряде работ, где у высокопродуктивных коров выявляются признаки нарушения обмена веществ. Так, в исследованиях Г.В. Мкртчян и М.Д. Бойко (2023) у коров с удоем свыше 7000 кг было зафиксировано снижение уровня гемоглобина и глюкозы, а также повышение общего белка, что авторы связывают с высоким энергетическим расходом. Аналогично, Л.В. Романенко с соавт. (2016) указывают на невысокую концентрацию глюкозы и низкий уровень каротина как на следствие недостаточного углеводного питания и проблем с качеством кормов у коров с продуктивностью свыше 10000 кг. Тот факт, что в данном исследовании все показатели, включая глюкозу и каротин, находятся в норме, говорит о сбалансированном кормлении, которое успешно компенсирует высокие продуктивные затраты джерсейских коров.

Можно предположить, что обменные процессы у животных в зависимости от генотипов полиморфизма генов *bGH* и *CASB* протекали стабильно, что создало условия для лучшей реализации их генетического потенциала продуктивности. Это косвенно подтверждается данными О.Г. Лоретц с соавт. (2017), которые установили, что многие биохимические показатели крови сами по себе имеют генетическую детерминацию и определённый уровень наследуемости. Например, содержание общего белка в крови, по их данным, обладает высоким коэффициентом наследуемости ($h^2 = 0,76$). Это позволяет предположить, что выявленные ассоциа-

ции генов с продуктивностью могут быть опосредованы генетически контролируемые особенностями метаболизма, которые, однако, в условиях хорошего менеджмента не выходят за рамки физиологической нормы.

Таким образом, биохимический анализ показал, что генетические различия реализуются в рамках здорового гомеостаза. Данный факт подтверждает, что установленные различия в ростовых, репродуктивных и продуктивных качествах коров с высокой вероятностью обусловлены именно генетическим влиянием исследуемых полиморфизмов.

3.7. Экономическая эффективность применения ДНК-маркеров в селекционной работе с джерсейской породой

Под экономической эффективностью принято понимать результативность деятельности, выраженную через отношение полученного эффекта к понесенным затратам. Как отмечают исследователи Т.М. Ахметов и С.В. Тюлькин (2013), а также М.В. Кагирова и Е.С. Коломеева (2018), в животноводстве главным критерием эффективности служит увеличение валового дохода, достигаемое за счет рационального использования производственного потенциала, включая генетические ресурсы стада.

Для выявления наиболее выгодных генотипов по генам *bGH* и *CASB* нами был проведен расчет экономической эффективности. Методика включала приведение показателей молочной продуктивности к единым базисным стандартам: массовая доля жира – 3,4%, белка – 3,0%. На основе полученных скорректированных данных был вычислен уровень рентабельности для каждой группы животных. Детальные результаты анализа отражены в таблицах 33-35.

Установлено, что при одинаковом уровне производственных затрат (347,1 тыс. руб. на голову за лактацию) животные с генотипом С/С обеспечили получение максимальной прибыли в размере 142,0 тыс. руб. Это на 10,5 тыс. руб. (на 8,0%) и 20,2 тыс. руб. (на 16,6%) больше, чем было получено от коров с генотипами С/Г и Г/Г соответственно. Основным фактором, определившим это превосходство, стал достоверно более высокий удой, который с избытком компенсиро-

вал незначительное отставание по массовой доле жира и, как следствие, по расчетной цене 1 кг молока.

Таблица 33 – Экономическая эффективность производства молока в зависимости от генотипа гена *bGH*

Показатель	Ед. изм.	Генотипы		
		C/C (n=72)	C/G (n=155)	G/G (n=134)
Удой за лактацию (305 дн.)	кг	6907,84	6649,29	6514,00
Содержание жира (МДЖ)	%	5,45	5,54	5,54
Расчет цены реализации				
Базисная цена реализации	руб./кг	44,165	44,165	44,165
Базисная жирность	%	3,40	3,40	3,40
Отклонение жира от базиса	%	+2,05	+2,14	+2,14
Надбавка за 0,1% жира	руб.	1,30	1,30	1,30
Корректировка цены за жир	руб./кг	+26,65	+27,82	+27,82
Расчетная цена 1 кг молока	руб.	70,82	71,99	71,99
Экономические показатели на 1 корову				
Выручка от реализации молока	руб.	489 180	478 677	468 943
Затраты на производство молока на 1 корову с учетом кормления и вет. обслуживания (за 305 дней)	руб.	347 145	347 145	347 145
Прибыль от реализации молока	руб.	142 035	131 532	121 798
Уровень рентабельности	%	40,9	37,9	35,1

В результате уровень рентабельности производства молока от коров с генотипом C/C достиг 40,9%, что на 3,0 и 5,8 абсолютных процентных пункта превышает аналогичные показатели для групп C/G (37,9%) и G/G (35,1%). Полученные данные убедительно подтверждают экономическую целесообразность использования гена *bGH* в качестве ДНК-маркера в селекционных программах, поскольку целенаправленное увеличение частоты желательной аллели С в популяции напрямую способствует повышению рентабельности и конкурентоспособности молочного скотоводства.

Было установлено, что более высокий удой у коров с генотипом C/A был почти полностью нивелирован более высокой расчетной ценой 1 кг молока у животных с генотипом C/C, обусловленной повышенным содержанием жира (72,90 руб. против 71,34 руб.). В результате разница в итоговой прибыли на одну корову за лактацию оказалась минимальной и составила всего 2,7 тыс. руб. в пользу группы C/C.

Таблица 34 – Экономическая эффективность производства молока
в зависимости от генотипа гена *CASB*

Показатель	Ед. изм.	Генотип	
		C/A (n=278)	C/C (n=81)
Удой за лактацию (305 дн.)	кг	6674,52	6568,28
Содержание жира (МДЖ)	%	5,49	5,61
Расчет цены реализации			
Базисная цена реализации	руб./кг	44,165	44,165
Базисная жирность	%	3,40	3,40
Отклонение жира от базиса	%	+2,09	+2,21
Надбавка за 0,1% жира	руб.	1,30	1,30
Корректировка цены за жир	руб./кг	+27,17	+28,73
Расчетная цена 1 кг молока	руб.	71,34	72,90
Экономические показатели на 1 корову			
Выручка от реализации молока	руб.	476 137	478 828
Затраты на производство молока на 1 корову с учетом кормления и вет. обслуживания (за 305 дней)	руб.	347 145	347 145
Прибыль от реализации молока	руб.	128 992	131 683
Уровень рентабельности	%	37,1	37,9

Уровень рентабельности производства молока от коров с генотипом C/C составил 37,9%, что лишь на 0,8 абсолютных процентных пункта выше, чем у животных с генотипом C/A (37,1%). Таким образом, экономический анализ показывает, что в рамках действующей системы ценообразования, ориентированной преимущественно на содержание жира, прямое финансовое преимущество отбора по генотипу C/C является несущественным. Следует подчеркнуть, что основная ценность генотипа C/C заключается в его технологических свойствах (более высокое содержание казеина), экономический эффект от которых может быть реализован только при более глубокой переработке молока, что не отражено в данной модели расчетов.

Высокую экономическую эффективность показали животные с комплексным генотипом $bGH^{C/C}CASB^{C/C}$. Максимальная прибыль в размере 157,0 тыс. руб. обеспечила высокий уровень рентабельности 45,2%. Для сравнения, наименее выгодным оказалось сочетание $bGH^{G/G}CASB^{C/C}$, рентабельность которого составила всего 34,2%. Таким образом, разница между наиболее и наименее эффективными комплексными генотипами достигает 38,4 тыс. руб. по прибыли и 11,0 абсолютных процентных пункта по рентабельности.

Таблица 35 – Экономическая эффективность производства молока в зависимости от комплексных генотипов гена *bGH* и *CASB*

Показатель	Ед. изм.	Комплексный генотип					
		<i>bGH</i> ^{C/C} <i>CASB</i> ^{C/A}	<i>bGH</i> ^{C/C} <i>CASB</i> ^{C/C}	<i>bGH</i> ^{C/G} <i>CASB</i> ^{C/A}	<i>bGH</i> ^{C/G} <i>CASB</i> ^{C/C}	<i>bGH</i> ^{G/G} <i>CASB</i> ^{C/A}	<i>bGH</i> ^{G/G} <i>CASB</i> ^{C/C}
Удой (305 дн.)	кг	6920,29	6830,70	6673,30	6550,22	6514,01	6516,67
МДЖ	%	5,42	5,68	5,48	5,72	5,55	5,50
Расчет цены реализации							
Базисная цена	руб./кг	44,17	44,17	44,17	44,17	44,17	44,17
Отклонение жира	%	+2,02	+2,28	+2,08	+2,32	+2,15	+2,10
Корректировка	руб./кг	+26,26	+29,64	+27,04	+30,16	+27,95	+27,30
Расчетная цена	руб.	70,43	73,81	71,21	74,33	72,12	71,47
Экономические показатели							
Выручка	руб.	487 419	504 180	475 251	486 863	469 761	465 756
Затраты	руб.	347 145	347 145	347 145	347 145	347 145	347 145
Прибыль	руб.	140 274	157 035	128 106	139 718	122 616	118 611
Рентабельность	%	40,4	45,2	36,9	40,2	35,3	34,2

Проведенный экономический анализ позволил транслировать полученные зоотехнические данные в финансовые показатели и оценить практическую целесообразность использования ДНК-маркеров в селекции. Установлено, что ген *bGH* является ключевым драйвером экономической эффективности. Его влияние прямолинейно: аллель С, ассоциированный с высоким удоем, обеспечивает значительный рост прибыли и существенно повышает рентабельность производства. Это подтверждает, что отбор по данному гену является эффективным инструментом для увеличения валовой выручки при тех же производственных затратах.

В противоположность этому, экономический вклад гена *CASB* в рамках действующей системы ценообразования, ориентированной на жирность, оказался нейтральным. Преимущество генотипа С/С в более высокой цене 1 кг молока было полностью скомпенсировано его отставанием по валовому производству, что привело к практически идентичным итоговым показателям рентабельности. Это указывает на то, что основная ценность данного гена для хозяйства раскрывается не при продаже сырого молока, а в условиях его дальнейшей переработки.

При анализе комплексных генотипов наиболее выгодным оказалось сочетание *bGH*^{C/C}*CASB*^{C/C}, объединившее высокий продуктивный потенциал гена *bGH* с качественными характеристиками молока от гена *CASB*. Это позволило достичь

максимальной рентабельности, которая была выше показателей животных с другими комбинациями генов. Разрыв в доходности между наиболее и наименее экономически эффективными генетическими группами превысил 10 процентных пунктов, что наглядно демонстрирует кумулятивный эффект отбора по нескольким маркерам.

Таким образом, исследование доказывает, что для достижения максимальной экономической отдачи селекционная работа должна быть направлена на формирование стада с оптимальным сочетанием генотипов по нескольким генам-маркерам. Комплексный генетический подход является наиболее эффективной стратегией для повышения рентабельности и конкурентоспособности молочного скотоводства.

4. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе исследования были получены данные и сделаны выводы:

1. В исследуемой группе коров джерсейской породы ($n=361$) установлен полиморфизм $p.Leu127Val$ в гене *bGH* и $p.Pro67His$ в гене *CASB*. Для гена *bGH* выявлено преобладание аллеля G (0,59) и статистически значимый дефицит гетерозигот (генотип C/G – 42,9%; $\chi^2=4,79$; $p < 0,05$). Для гена *CASB* установлено преобладание аллеля C с частотой 0,61 и значительный избыток гетерозигот (генотип C/A – 77,0%; $\chi^2=137,77$; $p < 0,001$).

2. Выявлены достоверные ассоциации полиморфизма исследуемых генов с динамикой роста и экстерьерными показателями. Животные с генотипом G/G в гене *bGH* характеризовались более высоким среднесуточным приростом в период с 6 до 10 месяцев (на 23,26 г, $p < 0,05$) и превосходили сверстниц по высоте в холке (на 0,92 см, $p < 0,05$). Установлена ассоциация генотипов гена бета-казеина с интенсивностью роста телок в период с 6 до 10 месяцев, животные с генотипом C/C достоверно превосходили гетерозигот (C/A) по абсолютному приросту на 2,97 кг и среднесуточному на 24,66 г ($p < 0,05$).

3. Генотип G/G гена *bGH*, характеризовался достоверно более высоким индексом осеменения по сравнению с аналогами генотипов C/C и C/G ($p < 0,05$). Влияние полиморфизма гена *CASB* на репродуктивные качества не установлено.

4. Установлена взаимосвязь полиморфизма генов *bGH* и *CASB* с молочной продуктивностью. Генотип C/C гена *bGH* ассоциирован с наиболее высокими показателями молочной продуктивности: уровнем удоя на 258-393 кг ($p < 0,05$), выходом молочного белка на 8,0-15,3 кг ($p < 0,05$) в сравнении с другими генотипами. Генотип C/C гена *CASB* ассоциирован с лучшими качественными и технологическими характеристиками молока: более высоким содержанием казеина (на 0,05%, $p < 0,05$), сухого обезжиренного (на 0,07%, $p < 0,05$) и общего сухого остатка (на 0,20%, $p < 0,05$). Сочетание комплексных генотипов $bGH^{C/C}CASB^{C/A}$ обеспечивает максимальный выход молочного белка, что на 19,77 кг (7,5%, $p < 0,05$) превышает показатели наименее продуктивной комбинации генов.

5. Оценка генетической структуры популяции по 16 STR-маркерам ($n=2382$) выявила высокий уровень генетического разнообразия (средняя наблюдаемая гетерозиготность $H_o=0,659$), являющийся основой для дальнейшей селекционной работы. Установлены ассоциации STR-маркеров с ключевыми хозяйственно полезными признаками. В ранний период развития (при рождении и в 3 месяца) наибольшую разницу по живой массе между контрастными генотипами показал локус ETH10 (6,64 и 14,67 кг соответственно), а в период 6 – 12 месяцев локус CSSM66, где разница последовательно возрастала с 20,21 до 38,04 кг. Динамика среднесуточных приростов на разных этапах развития ассоциирована со сменой маркеров, где в период 0 – 3 месяцев максимальные различия установлены в локусе ETH225 (30,28 г), в 3 – 6 месяцев в локусе ILSTS006 (33,32 г), в 10 – 12 месяцев в локусе SPS115 (181,15 г). По показателям молочной продуктивности максимальная разница по удою за лактацию зафиксирована между генотипами локуса CSSM66 (413,72 кг), по массовой доле жира – локуса CSRМ60 (1,02 %). Достоверных ассоциаций микросателлитных локусов с массовой долей белка не выявлено.

6. Установлено, что различия в рассматриваемых хозяйственно полезных признаках у коров исследуемых полиморфизмов генов *bGH* и *CASB* носили генетически обусловленный характер. Биохимические показатели крови (общий белок, глюкоза, кальций, фосфор, каротин, кетоновые тела) у животных всех генотипов находились в пределах физиологической нормы.

7. Расчет экономической эффективности показал, что животные с генотипом *bGH^{C/C}* показали максимальную прибыль (142,0 тыс. руб.) и рентабельность 40,9 %, что на 20,2 тыс. руб. превышает показатели сверстниц с генотипом G/G. По гену *CASB* наибольшая рентабельность также отмечена у гомозиготных животных C/C (37,9 %) по сравнению с гетерозиготами (37,1 %). От коров с комплексным генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/C}* была получена максимальная рентабельность производства молока (45,2%), что на 11,0 абсолютных процента выше в сравнении с наименее эффективной генетической группой.

ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

Для совершенствования продуктивных качеств крупного рогатого скота джерсейской породы рекомендуется осуществлять генотипирование, позволяющее выявлять наиболее ценных для селекции животных. При формировании стад, ориентированных на получение максимальной экономической прибыли, целесообразно проводить отбор ремонтных телок с комплексным генотипом *bGH^{C/C}CASB^{C/C}*. Разведение животных с данной генетической комбинацией обеспечивает оптимальный баланс между высоким уровнем удоя, выходом молочных компонентов и технологическими свойствами сырья.

Рекомендуется включить в программы генетического контроля стада микросателлитные (STR) маркеры SPS115, ETH225 и CSSM66, что позволит на ранних этапах онтогенеза идентифицировать ремонтных телок с высоким генетическим потенциалом интенсивности роста и будущей молочной продуктивности

ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

Результаты настоящего исследования открывают перспективы для дальнейшей научной работы, сфокусированной на валидации и практическом применении рассмотренных ДНК-маркеров. Первоочередной задачей является проверка установленных ассоциаций на расширенной выборке животных и дополнение панели анализа ключевыми генами, такими как *CSN3* и *DGAT1*, для более полного понимания генетических механизмов, определяющих качественный состав сырого молока. Целесообразно углубить исследование, изучив влияние генов гормона роста и бета-казеина на динамику лактационной кривой, показатели здоровья (устойчивость к маститу, кетозу) и детальные репродуктивные признаки (продолжительность сервис-периода, легкость отелов), а также показатели продуктивного долголетия и адаптационной пластичности животных к условиям промышленной технологии. Итогом дальнейшей работы может стать разработка и апробация в производственных условиях экономически обоснованной схемы маркер-ассоциированного отбора, включающей создание внутреннего селекционного индекса для дифференцированного подбора родительских пар и повышения общей эффективности селекции джерсейской породы.

СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ И УСЛОВНЫХ ОБОЗНАЧЕНИЙ

БГБ (ВНВ) – Бета-гидроксibuтират

КСК (СК) – Количество соматических клеток

МДБ – Массовая доля белка

МДЖ – Массовая доля жира

ПЦР – Полимеразная цепная реакция

ПЦР-РВ – Полимеразная цепная реакция в реальном времени

СОМО – Сухой обезжиренный молочный остаток

bGH – Ген гормона роста

CASB (CSN2) – Ген бета-казеина (аббревиатуры используются как синонимы в зависимости от номенклатуры баз данных и тест-систем)

ICAR – International Committee for Animal Recording (Международный комитет регистрации животных)

ISAG – International Society for Animal Genetics (Международное общество генетики животных)

MAS – Marker Assisted Selection (Маркер-ориентированная селекция)

QTL – Quantitative Trait Loci (Локусы количественных признаков)

STR – Short Tandem Repeats (Микросателлиты / Короткие тандемные повторы)

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Абрамова, Н. И. Динамика численности, продуктивности и показателей хозяйственного использования породных популяций молочного скота / Н. И. Абрамова, Г. С. Власова, Л. Н. Богорадова, О. Л. Хромова // Молочнохозяйственный вестник. – 2021. – № 4 (32). – С. 8-17.
2. Алтухова, В. В. Генетическая и паратипическая обусловленность формирования высокопродуктивного стада крупного рогатого скота при промышленной технологии производства молока / В. В. Алтухова, А. В. Востроилов // Агроген Воронежского государственного аграрного университета. – 2023. – № 1(1). – С. 59-64.
3. Амерханов, Х. А. Научное обеспечение конкурентности молочного скотоводства / Х. А. Амерханов, Н. И. Стрекозов // Молочное и мясное скотоводство. – 2012. – № S1. – С. 2-5.
4. Амерханов, Х. А. Племенная база молочного и мясного скотоводства Российской Федерации и перспективы её развития / Х. А. Амерханов // Молочное и мясное скотоводство. – 2010. – № 8. – С. 2-5.
5. Артемов, К. Е. Экономическая эффективность отрасли молочного скотоводства при использовании геномной селекции / К. Е. Артемов, Е. С. Артемов // Агроген Воронежского государственного аграрного университета. – 2024. – № 2(6). – С. 76-85.
6. Ахметов, Т. М. Экономическая эффективность использования коров с разными генотипами каппа-казеина / Т. М. Ахметов, С. В. Тюлькин // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2013. – Т. 216. – С. 35-40.
7. Бабичева, Л. В. Современные тенденции развития производства молока и молокопродуктов в условиях рыночной экономики / Л. В. Бабичева // Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии. – 2017. – № 7. – С. 78-80.
8. Байбакова, Т. В. Предпосылки интеграционного развития молочно-продуктового подкомплекса Кировской области / Т. В. Байбакова // Advanced Science. – 2017. – № 2(6). – С. 68.
9. Баймишев, Х. Б. Сравнительная оценка эффективности использования методов РИД и ПЦР при диагностике лейкоза крупного рогатого скота / Х. Б. Баймишев, В. В. Землянкин // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2009. – № 1. – С. 28-31.
10. Басонов, О. А. Взаимосвязь экстерьерных и интерьерных показателей с молочной продуктивностью коров голштинской породы / О. А. Басонов, А. С. Кулаткова // Нива Поволжья. – 2023. – № 2(66). – DOI: 10.36461/NP.2023.66.2.009.
11. Батанов, С. Д. Модель прогнозирования молочной продуктивности коров по их экстерьерным особенностям / С. Д. Батанов, И. А. Баранова, О. С. Старостина // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. – 2019. – № 1(49). – С. 55-62. – DOI 10.31563/1684-7628-2019-49-1-55-62.
12. Березовик, Р. В. Влияние геномных данных на надежность оценок племенной ценности быков-производителей молочного направления продуктивности / Р. В. Бе-

резовик, Н. М. Храмченко, И. Н. Коронец [и др.] // Животноводство и ветеринарная медицина. – 2023. – № 1(48). – С. 7-13.

13. Блюм, Е. Р. Современное состояние крупного рогатого скота джерсейской породы в России / Е. Р. Блюм, О. М. Мухтарова // Инновационная наука. – 2022. – № 4-1. – С. 18-20.

14. Бобылева, Д. В. Состояние и перспективы развития молочного скотоводства в России / Д. В. Бобылева, К. Ю. Хатанов // Молодежь и наука. – 2018. – № 2. – С. 57.

15. Бородинов, А. Г. Поколения методов секвенирования ДНК (обзор) / А. Г. Бородинов, В. В. Манойлов, И. В. Заруцкий [и др.] // Научное приборостроение. – 2020. – Т. 30, № 4. – С. 3-20. – DOI 10.18358/np-30-4-i320.

16. Буклагин, Д. С. Инфракрасные анализаторы для многокомпонентного анализа качества продукции животноводства / Д. С. Буклагин // Наука в центральной России. – 2019. – № 5(41). – С. 84-98. – DOI 10.35887/2305-2538-2019-5-84-98.

17. Бургомистрова О. Н. Оптимальные параметры развития высокопродуктивных коров черно-пестрой породы / О. Н. Бургомистрова, Н. И. Абрамова, О. Л. Хромова // Генетика и разведение животных. – 2018. – № 3. – С. 57-63. – DOI 10.31043/2410-2733-2018-3-57-63.

18. Вельматов, А. П. Продуктивные особенности коров красно-пестрой породы разных экстерьерно-конституциональных типов / А. П. Вельматов, Т. Н. Тишкина, О. В. Костин // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2019. – № 2 (46). – С. 161–165.

19. Вечерка, В. В. Изменчивость признаков телосложения и продуктивности коров украинских черно– и красно-пестрой молочных пород разных экстерьерно-конституциональных типов / В. В. Вечерка, Е. А. Самохина, И. А. Еремейчук // Вестник Сумского национального аграрного университета. – 2016. – № 5. – С. 30-35.

20. Влияние возраста первого плодотворного осеменения и первого отела на молочную продуктивность коров украинской черно-пестрой молочной породы / З. Э. Щербатый, П. В. Боднар, Ю. Г. Кропивка, П. Й. Руснак // Ученые записки учреждения образования Витебская ордена Знак почета государственная академия ветеринарной медицины. – 2014. – Т. 50, № 2-1. – С. 246-249.

21. Влияние живой массы при рождении на интенсивность роста телок и их последующую молочную продуктивность / О. К. Гогаев, Л. Х. Бекузарова, Т. А. Кадиева [и др.] // Проблемы развития АПК региона. – 2016. – Т. 25, № 1-1(25). – С. 118-122.

22. Влияние интенсивности выращивания и возраста плодотворного осеменения на молочную продуктивность первотелок / Н. П. Сударев, Д. Абылкасымов, С. В. Чаргеишвили [и др.] // Сельскохозяйственный журнал. – 2021. – № 1(14). – С. 39-44. – DOI 10.25930/2687-1254/006.1.14.2021.

23. Влияние паратипических факторов на стабильность лактации и качество молока у высокопродуктивного молочного скота / В. И. Трухачев, С. А. Олейник, Н. З. Злыднев [и др.] // Эффективное животноводство. – 2021. – № 5(171). – С. 135-139. – DOI 10.24412/cl-33489-2021-5-135-139.

24. Габидулин, В. М. Показатели продуктивности у генотипированного молодняка абердин-ангусской породы по гену bGH / В. М. Габидулин, С. А. Алимова, А. Н. Фролов, А. А. Салихов // Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН. – 2019. – № 4. – С. 29. – DOI 10.24411/2304-9081-2019-14029.
25. Генотипирование как основа ускорения селекционного процесса в молочном скотоводстве / Н. Ю. Лукинов, А. В. Пилипенко, А. В. Востроилов, Н. С. Беспалова // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2024. – № 3(78). – С. 74-78.
26. Глазко, В. И. Молекулярная биология для животноводства / В. И. Глазко // Farm Animals. – 2012. – № 1(1). – С. 24-29.
27. Голубков, А. И. Создание стада коров симментальской породы – производителей молока белка бета-казеина типа A2 / А. И. Голубков, Ф. С. Мирвалиев, Л. В. Ефимова, А. А. Голубков // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2023. – Т. 60, № 4. – С. 61-68. – DOI 10.54258/20701047_2023_60_4_61.
28. Гончаренко, И. В. Продуктивные и воспроизводительные качества коров-рекордисток голштинской породы / И. В. Гончаренко // The Scientific Heritage. – 2019. – № 38-1(38). – С. 3-8.
29. Грибанова, Ж. А. Полиморфизм гена бета-лактоглобулина и его влияние на молочную продуктивность и качественные показатели молока коров белорусской черно-пестрой породы / Ж. А. Грибанова, О. П. Курак // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2012. – № 15 (2). – С. 119-124.
30. Громова, Т. В. Зависимость молочной продуктивности коров приобского типа черно-пестрой породы от экстерьерно-конституциональных особенностей телосложения / Т. В. Громова, А. П. Косарев, П. В. Конорев // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. – 2017. – № 6 (152).
31. Громько, Е. В. Оценка состояния организма коров методами биохимии / Е. В. Громько // Экологический Вестник Северного Кавказа. – 2005. – Т. 1, № 2. – С. 80-94.
32. Гудыменко, В. И. Высокопродуктивное стадо голштинизированного чёрно-пёстрого скота / В. И. Гудыменко, С. С. Жукова, В. В. Гудыменко, А. П. Хохлова // Вестник мясного скотоводства. – 2015. – № 2(90). – С. 32-39.
33. Данкверт, А. Г. История племенного животноводства России / А. Г. Данкверт. – Москва : Арбат-Информ, 2004. – 328 с.
34. Диагностика гаплотипа FN4 у крупного рогатого скота симментальской породы с использованием системы ПЦР в реальном времени / А. А. Зимина, Н. В. Бардуков, М. С. Форнара, О. В. Костюнина // Вестник КрасГАУ. – 2020. – № 11(164). – С. 138-144. – DOI 10.36718/1819-4036-2020-11-138-144.
35. ДНК-полиморфизм генов гормона роста и пролактина у ярославского и черно-пестрого скота в связи с молочной продуктивностью / С. Р. Хатами, О. Е. Лазебный, В. Ф. Максименко, Г. Е. Сулимова // Генетика. – 2005. – Т. 41, № 2. – С. 229-236.
36. Доктрина продовольственной безопасности РФ : Указ Президента РФ от 21 января 2020 г. N 20 // Гарант : [сайт]. – URL: <https://base.garant.ru/73438425/> (дата обращения: 23.08.2025).

37. Долматова, И. Ю. Оценка генетического потенциала крупного рогатого скота по маркерным генам / И. Ю. Долматова, Ф. Р. Валитов // Вестник Башкирского университета. – 2015. – Т. 20, № 3. – С. 850-853.
38. Донник, И. М. Влияние технологии доения на молочную продуктивность и качество молока коров / И. М. Донник, О. Г. Лоретц // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 12(130). – С. 13-16.
39. Дунин, И. М. Перспективы развития молочного скотоводства и конкурентоспособность молочного скота, разводимого в Российской Федерации / И. М. Дунин, А. Г. Данкверт, А. В. Кочетков // Молочное и мясное скотоводство. – 2013. – № 3. – С. 1-5.
40. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2022 год) / ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела". – Лесные Поляны : ВНИИплем, 2023. – 255 с. – ISBN 978-5-87958-436-3.
41. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2023 год) / ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела". – Лесные Поляны : ВНИИплем, 2024. – 242 с. – ISBN 978-5-87958-4476.
42. Епишко, О. А. STR-локусы в происхождении крупного рогатого скота / О. А. Епишко, Л. А. Танана, В. В. Пешко // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. – 2014. – Т. 2, № 7. – С. 64-68.
43. Ефимова, Л. В. Продуктивность коров красно-пёстрой породы в зависимости от типов телосложения / Л. В. Ефимова, Н. М. Ростовцева, Т. В. Кулакова [и др.] // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. – 2016. – № 12 (84).
44. Загидуллин, Л. Р. Полиморфизм генов каппа-казеина и диацилглицерол О-ацилтрансферазы у черно-пестрого скота / Л. Р. Загидуллин, Р. Р. Шайдуллин, Т. М. Ахметов, С. В. Тюлькин // Молочнохозяйственный вестник. – 2020. – № 1(37). – С. 24-34.
45. Загидуллин, Л. Р. Цифровизация молочного скотоводства на примере системы роботизированного доения / Л. Р. Загидуллин, Р. Р. Хисамов, Р. Р. Шайдуллин // Техника и технологии в животноводстве. – 2021. – № 4(44). – С. 17-22. – DOI 10.51794/27132064-2021-4-17.
46. Зиннатов, Ф. Ф. Выявление полиморфизма гена LTF у коров методом ПЦР-ПДРФ-анализа и изучение взаимосвязи его с показателями молочной продуктивности / Ф. Ф. Зиннатов, Т. Р. Якупов, Ф. Ф. Зиннатова, Т. М. Ахметов // Вестник Марийского государственного университета. Серия: Сельскохозяйственные науки. Экономические науки. – 2021. – Т. 7, № 4(28). – С. 359-366. – DOI 10.30914/2411-9687-2021-7-4-359-366.
47. Ибрагимова, Г. Р. Предпринимательская деятельность в молочном скотоводстве / Г. Р. Ибрагимова, Л. Ф. Ситдикова // Вектор экономики. – 2019. – № 3(33). – С. 93.
48. Иванова И. Е., Волынкина М. Г. Биохимический статус крови высокопродуктивных коров сухостойного периода в условиях АО «ПЗ «Учхоз ГАУ Северного Зауралья» // Известия ОГАУ. 2017. №5 (67).

49. Иванова, И. П. Фенотипические особенности коров джерсейской породы в процессе адаптации к условиям Омской области / И. П. Иванова, Е. Н. Юрченко // Вестник Омского государственного аграрного университета. – 2023. – № 1(49). – С. 99-105. – DOI 10.48136/2222-0364_2023_1_99.
50. Инновационные технологии молочных продуктов функционального профилактического назначения / В. Г. Кайшев, О. В. Сычева, И. А. Трубина [и др.] // Переработка молока. – 2023. – № 2(280). – С. 28-31. – DOI 10.33465/2222-5455-2023-2-28-31.
51. Кавардаков, В. Я. Современное состояние и основные направления технологического развития молочного скотоводства Российской Федерации / В. Я. Кавардаков, И. А. Семененко // Молочнохозяйственный вестник. – 2018. – № 2(30). – С. 24-35.
52. Кагирова, М. В. Анализ сущности эффективности животноводства России как объекта статистического исследования / М. В. Кагирова, Е. С. Коломеева // Российский экономический интернет-журнал. – 2018. – № 3. – С. 34.
53. Кайшев, В. Г. Производство и переработка молока – ключевые факторы насыщения рынка и обеспечения продовольственной безопасности страны / В. Г. Кайшев, О. В. Сычева // Переработка молока. – 2021. – № 7(261). – С. 36-37.
54. Калашников, А. Е. Геномная селекция как основа племенной работы (обзор) / А. Е. Калашников, А. И. Голубков, В. Г. Труфанов [и др.] // Вестник КрасГАУ. – 2021. – № 7(172). – С. 163-170. – DOI 10.36718/1819-4036-2021-7-163-170.
55. Калашникова, Л. А. Молочная продуктивность коров краснопестрой породы с разными генотипами бета-казеина / Л. А. Калашникова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2022. – № 2. – С. 21-24. – DOI 10.33943/MMS.2022.82.31.005.
56. Калашникова, Л. А. Полиморфизм гена бета-казеина у коров голштинской породы / Л. А. Калашникова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2021. – № 1. – С. 19-21. – DOI 10.33943/MMS.2021.60.50.003.
57. Калашникова, Л. А. Полиморфизм гена бета-казеина у холмогорской породы крупного рогатого скота / Л. А. Калашникова, В. П. Прожерин, Я. А. Хабибрахманова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2021. – № 2. – С. 22-24. – DOI: 10.33943/MMS.2021.86.71.005
58. Кийко, Е. И. Полимеразная цепная реакция как метод генной диагностики в молочном скотоводстве / Е. И. Кийко // Вестник Тамбовского университета. Серия: Естественные и технические науки. – 2011. – Т. 16, № 2. – С. 658-659.
59. Кийко, Е. И. Принципы маркерной селекции в молочном скотоводстве / Е. И. Кийко // Вестник Тамбовского университета. Серия: Естественные и технические науки. – 2010. – Т. 15, № 1. – С. 134-135.
60. Ковальчук, С. Н. Дифференциация аллелей 337C/G гена FSHR крупного рогатого скота методом ПЦР в реальном времени / С. Н. Ковальчук, А. В. Бабий, С. А. Бурсаков // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2018. – № 11-2. – С. 325-328.
61. Комлацкий, В. И. Особенности улучшения воспроизводства стада коров / В. И. Комлацкий, О. Н. Еременко // Политематический сетевой электронный научный жур-

нал Кубанского государственного аграрного университета. – 2021. – № 167. – С. 75-83. – DOI 10.21515/1990-4665-167-005.

62. Контэ, А. Ф. Оценка динамики генетической изменчивости для показателей типа телосложения коров-первотелок голштинизированной черно-пестрой породы Подмосковья / А. Ф. Контэ, А. Н. Ермилов, А. А. Сермягин // Вестник КрасГАУ. – 2020. – № 8(161). – С. 69-78. – DOI 10.36718/1819-4036-2020-8-69-78.

63. Контэ, А. Ф. Параметры изменчивости показателей телосложения и продуктивности голштинских коров в зависимости от уровня удоя / А. Ф. Контэ, Г. Г. Карликова // Аграрный вестник Урала. – 2022. – № 6(221). – С. 37-48. – DOI: 10.32417/1997-4868-2022-221-06-37-48.

64. Коронец, И. Н. Новые методические подходы к оценке экстерьера коров молочных пород / И. Н. Коронец, Н. В. Климец, Ж. И. Шеметовец [и др.] // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства : сборник научных трудов / УО «Белорусская государственная сельскохозяйственная академия». Том Выпуск 19, часть 1. – Горки : Белорусская государственная сельскохозяйственная академия, 2016. – С. 341-349.

65. Косолапов, В. М. Геномная селекция: этапы развития / В. М. Косолапов, Н. Н. Козлов, И. А. Клименко // Вестник российской сельскохозяйственной науки. – 2018. – № 1. – С. 8-12.

66. Кощяев, А. Г. Частота встречаемости генотипов гена бета-казеина в популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота / А. Г. Кощяев, Е. А. Гырнец // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2021. – № 93. – С. 310-314. – DOI 10.21515/1999-1703-93-310-314.

67. Крамаренко, С. С. Анализ главных компонент экстерьерных признаков молочных коров / С. С. Крамаренко, Н. И. Кузьмичева, А. С. Крамаренко // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького. – 2017. – Т. 19, № 79. – С. 48-52.

68. Кузнецов, В. М. Информационно-энтропийный подход к анализу генетического разнообразия популяций (аналитический обзор) / В. М. Кузнецов // Сельскохозяйственная наука Евро-Северо-Восток. – 2022. – Т. 23, № 2. – С. 159-173. – DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.2.159-173.

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

70. Кулешова, Е. А. Молочная продуктивность айрширских коров в зависимости от определяемого генотипа бета – казеина / Е. А. Кулешова, Е. А. Москаленко, Н. В. Быченко // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. – 2023. – Т. 12, № 2. – С. 7-12. – DOI 10.48612/sbornik-2023-2-2.

71. Кулибеков, К. К. Продуктивные качества джерсейской породы / К. К. Кулибеков // Аграрная наука на Севере – сельскому хозяйству : Сборник материалов VI Всероссийской научно-практической конференции (с международным участием), Сыктывкар, 26 апреля 2024 года. – Киров: Межрегиональный центр инновационных технологий в образовании, 2024. – С. 393-398. – DOI 10.24412/cl-37231-2024-1-393-398.

72. Ладька, В. И. Исследование полиморфизма гена бета-казеина и его взаимосвязи с составом молока у симментальских коров / В. И. Ладька, Ю. М. Павленко, Т. И. Дрыга [и др.] // Животноводство и генетика. – 2021. – № 62. – С. 106-113. – DOI: 10.31073/abg.62.14.

73. Лазебная, И. В. Полиморфизм генов гормона роста и пролактина в связи с признаками качества молока у крупного рогатого скота ярославской породы / И. В. Лазебная, О. Е. Лазебный, В. Ф. Максименко, Г. Е. Сулимова // Сельскохозяйственная биология. – 2012. – Т. 47, № 2. – С. 39-44.

74. Лашнева, И. А. Влияние наличия транс-изомеров жирных кислот в молоке на его состав и продуктивность коров / И. А. Лашнева, А. А. Сермягин // Достижения науки и техники АПК. – 2020. – Т. 34, № 3. – С. 46-50. – DOI 10.24411/0235-2451-2020-10309.

75. Легашев, Л. В. Прогнозирование количественных характеристик молока на основе инфракрасной спектроскопии с применением методов машинного обучения / Л. В. Легашев, И. П. Болодурина, Л. С. Гришина [и др.] // Вестник Южно-Уральского государственного университета. Серия: Компьютерные технологии, управление, радиоэлектроника. – 2022. – Т. 22, № 3. – С. 47-56. – DOI 10.14529/ctcr220305.

76. Лесняк, А. В. Качественные показатели молока в связи с породными особенностями коров / А. В. Лесняк // Проблемы биотехнологии, селекции, кормления и кормопроизводства современного животноводства : сборник статей по материалам Международной научно-практической конференции, посвященной 95-летию Национальной академии наук Беларуси, Жодино, 19–20 октября 2023 года. – Жодино : НПЦ НАН Беларуси по животноводству, 2023. – С. 71-75.

77. Лесняк, А. В. Особенности экстерьера коров джерсейской породы в связи с молочной продуктивностью / А. В. Лесняк // Геномика и биотехнологии в сельском хозяйстве : Сборник научных статей по материалам конференции в рамках 89-й научно-практической конференции «Аграрная наука – Северо-Кавказскому федеральному округу», Ставрополь, 06 июня 2024 года. – Ставрополь: Ставропольский государственный аграрный университет, 2024. – С. 36-42.

78. Лесняк, А. В. Основные качественные показатели молока коров джерсейской и айрширской пород / А. В. Лесняк // Передовые достижения науки в молочной отрасли : Сборник научных трудов по результатам работы V Международной научно-практической конференции, Вологда-Молочное, 26 октября 2023 года. Том 1. – Вологда-Молочное: Вологодская государственная молочнохозяйственная академия им. Н.В. Верещагина, 2023. – С. 411-416.

79. Лесняк, А. В. Сравнительный анализ качественных показателей молока-сырья пород крупного рогатого скота молочного направления в Ставропольском крае / А. В. Лесняк // Геномика и биотехнологии в сельском хозяйстве : сборник научных статей по материалам пленарного заседания 88-й научно-практической конференции, Ставрополь, 01 июня 2023 года. – Ставрополь : Ставропольский ГАУ, 2023. – С. 37-43.

80. Лефлер, Т. Ф. Сравнительная оценка качества молока коров красно-пестрой породы разных экстерьерно-конституциональных типов / Т. Ф. Лефлер, Н. Н. Кириенко, О. В. Зайцева // Вестник КрасГАУ. – 2016. – С. 28–33.
81. Лефлер, Т. Ф. Характеристика экстерьера методом промеров и индексов телосложения / Т. Ф. Лефлер, В. В. Багаев // Вестник КрасГАУ. – 2014. – № 9(96). – С. 142-146.
82. Лоретц, О. Г. Влияние генотипа каппа-казеина на технологические свойства молока / О. Г. Лоретц, Е. В. Матушкина // Аграрный вестник Урала. – 2014. – № 3(121). – С. 23-26.
83. Лоретц О. Г., Генетические параметры биохимического состава молока и крови коров молочного направления продуктивности / О. Г. Лоретц, О. В. Горелик, С. А. Гриценко, А. А. Белооков // Аграрный вестник Урала. – 2017. – № 10(164). – С. 3.
84. Мамонтова, Т. В. Генетические маркеры в селекции животных: опыт и перспективы / Т. В. Мамонтова, М. М. Айбазов // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2016. – Т. 1, № 9. – С. 480-485.
85. Мартынов, А. В. Экстерьерные особенности и молочная продуктивность высокопродуктивных коров разных генотипов в стаде РУП Учхоз БГСХА / А. В. Мартынов, Т. В. Павлова, Н. В. Казаровец // Животноводство и ветеринарная медицина. – 2012. – № 4. – С. 23-28.
86. Международное соглашение по методам регистрации. Руководящие принципы регистрации международного комитета регистрации животных (ICAR) : утверждены на Генеральной ассамблее, Берлин, май, 2014 г. / В. И. Трухачев, С. А. Олейник, М. И. Селионова [и др.]. – Берлин : Международный комитет регистрации животных (ICAR), 2014. – 630 с.
87. Международный комитет регистрации животных (ICAR) : [сайт]. – URL: <https://www.icar.org/> (дата обращения: 08.01.2025).
88. Меркурьева, Е. К. // Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных [Текст] : [Для зоотехн. вузов и фак.]. – Москва : Колос. –1970. – 424 с.
89. Михалюк, А. Н. Влияние генов соматотропина (GH) и диацилглицерол-о-ацилтрансферазы 1 (DGAT1) на показатели молочной продуктивности коров белорусской черно-пестрой породы / А. Н. Михалюк, Л. А. Танана, О. А. Епишко // Животноводство и ветеринарная медицина. – 2021. – № 1(40). – С. 40-44.
90. Мкртчян, Г. В. Связь между биохимическими показателями крови и показателей молочной продуктивности у коров в группах с разным уровнем продуктивности / Г. В. Мкртчян, М. Д. Бойко // Международный научно-исследовательский журнал. – 2023. – № 8(134). – DOI 10.23670/IRJ.2023.134.5.
91. Можаяев, С. П. История развития Отечественной зоотехнии / С. П. Можаяев, К. А. Плотников, Н. П. Скрынников // International Scientific Review. – 2020. – № 1(42). – С. 83-84.
92. Найманов, Д. К. Молочная продуктивность дочерей быков-производителей различных линий голштинской породы и содержание соматических клеток в молоке / Д.

К. Найманов, Г. И. Шайкамал, А. Т. Кажиякбарова, Е. Б. Джуламанов // Животноводство и кормопроизводство. – 2019. – Т. 102, № 2. – С. 115-124. – DOI 10.33284/2658-3135-102-2-115.

93. Новикова, Н. Н. Оценка эффективности методов диагностики лейкоза крупного рогатого скота / Н. Н. Новикова, В. С. Власенко // Ветеринария и кормление. – 2023. – № 5. – С. 57-60. – DOI 10.30917/АТТ-VK-1814-9588-2023-5-14.

94. Олейник, С. А. Взаимосвязь типа телосложения и полиморфизма генов bGH и CASB с продуктивностью и экстерьером коров джерсейской породы / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Аграрный научный журнал. – 2026. – № 1. – С. 77-83. – DOI 10.28983/asj.y2026i1pp77-83.

95. Олейник, С. А. Влияние интенсивности роста телок джерсейской породы в период онтогенеза на их молочную продуктивность / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. – 2023. – Т. 15, № 5. – С. 201-227. – DOI: 10.12731/2658-6649-2023-15-5-934.

96. Олейник, С. А. Влияние полиморфизма генов BGN и CASB на продуктивные показатели молочного скота джерсейской породы / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Пермский аграрный вестник. – 2025. – № 3(51). – С. 119-126. – DOI 10.47737/2307-2873_2025_51_119.

97. Олейник, С. А. Генетическое разнообразие гена гормона роста и его связь с репродуктивной функцией у джерсейского скота / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Аграрный вестник Северного Кавказа. – 2025. – Т. 15, № 2. – С. 42-52. – DOI 10.31279/2949-4796-2025-15-2-42-52.

98. Олейник, С. А. Оценка генетических параметров в субпопуляции скота джерсейской породы на основе изучения STR-маркеров и их потенциального влияния на изменчивость показателей развития животных / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Сельскохозяйственная биология. – 2025. – Т. 60, № 2. – С. 271-286. – DOI: 10.15389/agrobiology.2025.2.271rus.

99. Олейник, С. А. Перспективные направления совершенствования молочного скотоводства в Северо-Кавказском федеральном округе / С. А. Олейник, В. С. Скрипкин, А. М. Ершов [и др.] // Реализация приоритетных программ развития АПК : Сборник научных трудов по итогам X Международной научно-практической конференции, посвященной памяти заслуженного деятеля науки РФ и КБР, профессора Б.Х. Жерукова, Нальчик, 24–26 ноября 2022 года. – Нальчик : Кабардино-Балкарский ГАУ, 2022. – Т. 1. – С. 248-253.

100. Олейник, С. А. Полиморфизм гена бета-казеина у крупного рогатого скота джерсейской породы в Ставропольском крае / С. А. Олейник, А. В. Лесняк // Аграрная наука. – 2025. – № 7. – С. 107-113. – DOI: 10.32634/0869-8155-2025-396-07-107-113.

101. Олейник, С. А. Продуктивность коров джерсейской породы в зависимости от их типа телосложения / С. А. Олейник, Н. З. Злыднев, А. В. Лесняк // Аграрный вестник Северного Кавказа. – 2024. – № 1(53). – С. 27-31. – DOI 10.31279/2949-4796-2024-1-53-27-31.

102. Организация регионального селекционно-технологического центра по молочному скотоводству с учетом требований Международного комитета регистрации животных (ICAR) : учебно-методическое пособие / В. И. Трухачев, С. А. Олейник, Н. З. Злыднев [и др.]. – Ставрополь : Ставропольский государственный аграрный университет, 2022. – 76 с.

103. Павлова, Т. В. Экстерьерные особенности и молочная продуктивность коров-рекордисток в племенных стадах / Т. В. Павлова, Н. В. Казаровец, А. В. Мартынов // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2018. – № 21-1. – С. 58-65.

104. Панков, М. Н. Бета-казеин коровьего молока и его влияние на организм человека (обзор) / М. Н. Панков, В. С. Смолина, А. О. Ступина [и др.] // Журнал медико-биологических исследований. – 2024. – Т. 12, № 3. – С. 411-418. – DOI 10.37482/2687-1491-Z207.

105. Парамонова, М. А. Влияние полиморфизма гена молочного белка CASB на продуктивные качества скота чёрно-пёстрой породы / М. А. Парамонова // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2023. – № 5(103). – С. 300-305. – DOI 10.37670/2073-0853-2023-103-5-300-305.

106. Парыгина, Е. В. Ассоциация генотипов коров холмогорской породы по бета-казеину с молочной продуктивностью / Е. В. Парыгина [и др.] // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. – 2022. – Т. 23, № 6. – С. 877-883. – DOI 10.30766/2072-9081.2022.23.6.877-883.

107. Перепелкина, В. А. Особенности экстерьера и показатели роста молочного крупного рогатого скота черно-пестрой и джерсейской пород / В. А. Перепелкина // Аграрная Россия. – 2015. – № 10. – С. 26-30.

108. Перспективы использования оценки геномной племенной ценности в селекции молочного скота / А. А. Сермягин, Е. Н. Нарышкина, Т. В. Карпушкина [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – № 7. – С. 2-5.

109. Плохинский, Н.А. Биометрия: Учебное пособие для студентов биол. специальностей университетов. – 2-е изд. – Москва : Изд-во Московского университета. – 1970. – 367 с.

110. Полиморфизм генов CSN3, BPRL и BGN у коров костромской породы в связи с показателями молочной продуктивности / А. В. Перчун, И. В. Лазебная, С. Г. Белокуров [и др.] // Фундаментальные исследования. – 2012. – № 11-2. – С. 304-308.

111. Полиморфизм генов гормона роста bGN и пролактина bPRL и изучение его связи с процентным содержанием жира в молоке у коров костромской породы / И. В. Лазебная, О. Е. Лазебный, М. Н. Рузина [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2011. – Т. 46, № 4. – С. 46-51.

112. Пославская, Ю. В. Продолжительность и эффективность пожизненного использования коров в зависимости от их удоя по первой и лучшей лактациям / Ю. В. Пославская, Е. И. Федорович, П. В. Боднар // Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького. – 2017. – Т. 19, № 74. – С. 175-181.

113. Приказ Минздрава России от 30.12.2022 N 821 "О внесении изменений в приложение к Рекомендациям по рациональным нормам потребления пищевых продуктов, отвечающих современным требованиям здорового питания, утвержденным приказом Министерства здравоохранения Российской Федерации от 19 августа 2016 г. N 614" // КонсультантПлюс: [сайт]. – URL: https://www.consultant.ru/document/cons_doc_LAW_436154/ (дата обращения: 23.08.2025).

114. Прогноз развития животноводства России на среднесрочную перспективу / Н. И. Стрекозов, В. Н. Виноградов, Г. П. Легошин [и др.] // Научные основы ведения животноводства : Сборник научных трудов / ГНУ ВИЖ Россельхозакадемии. – Дубровицы, Московская область : Государственное научное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства РАСХН, 2009. – С. 9-14.

115. Продуктивность крупного рогатого скота молочных пород в Ростовской области / А. И. Клименко, В. Н. Пристupa, С. В. Шаталов, А. А. Григорьева // Ветеринарная патология. – 2015. – № 4(54). – С. 43-47.

116. Производство и переработка молока в комплексе – выгодный союз / В. Г. Кайшев, О. В. Сычева, И. А. Трубина [и др.] // Молочная река. – 2021. – № 2(82). – С. 16-18.

117. Прохорова, Ю. В. Амплификация ДНК *in vitro* / Ю. В. Прохорова // Известия Пензенского государственного педагогического университета им. В.Г. Белинского. – 2008. – № 10. – С. 208-213.

118. ПЦР в реальном времени для диагностики парагриппа-3 крупного рогатого скота / А. Гериш, А. К. Галиуллин, В. Г. Гумеров [и др.] // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. – 2020. – Т. 241, № 1. – С. 62-65. – DOI 10.31588/2413-4201-1883-241-1-62-66.

119. Реалии и перспективы молочного скотоводства в России сегодня / М. В. Шуварин, Е. Е. Борисова, Д. В. Ганин [и др.] // Вестник НГИЭИ. – 2021. – № 11(126). – С. 73-82. – DOI 10.24411/2227-9407-2021-11-73-82.

120. Российский статистический ежегодник. 2004 : статистический сборник / Федеральная служба государственной статистики [Росстат] ; редкол.: В. Л. Соколин, Э. Ф. Баранов, М. И. Гельвановский. – [офиц. изд.]. – Москва : Федеральная служба государственной статистики, 2004. – 725 с. – ISBN 5-89476-152-2.

121. Романенко, Л. В. Уровень обменных процессов в организме коров с продуктивностью свыше 10000 кг молока / Л. В. Романенко, Н. В. Пристач, З. Л. Федорова // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. – 2016. – № 42. – С. 125-134.

122. Русова, Д. Н. Современное состояние и проблемы отрасли молочного скотоводства в Российской Федерации / Д. Н. Русова // Молодой ученый. – 2022. – № 51(446). – С. 327-329.

123. Санова, З. С. Уровень молочной продуктивности джерсейских коров в зависимости от генеалогии / З. С. Санова // Аграрный вестник Урала. – 2021. – № 1(204). – С. 60-69. – DOI 10.32417/1997-4868-2021-204-01-60-69.

124. Сапармырадов, Р. Д. Особенности использования CRISPR/CAS9 для редактирования генома млекопитающих / Р. Д. Сапармырадов, Д. К. Ходжамаммедова // Наука и мировоззрение. – 2025. – № 38. – С. 231-235.
125. Сарычев, В. А. Характеристика молочной продуктивности и технологических свойств молока коров черно-пестрой породы с разными аллельными вариантами гена каппа-казеина (CSN3) / В. А. Сарычев, А. И. Афанасьева // Вестник КрасГАУ. – 2024. – № 5(206). – С. 167-176. – DOI 10.36718/1819-4036-2024-5-167-176.
126. Сафина, Н. Ю. Влияние комплекса полиморфизма генов к-казеина (CSN3) и пролактина (PRL) на молочную продуктивность коров-первотелок голштинской породы / Н. Ю. Сафина, Ю. Р. Юльметьева, Ш. К. Шакиров // Молочнохозяйственный вестник. – 2018. – № 1 (29). – С. 74-82. DOI: 10.24411/2225-4269-2018-00008.
127. Сафина, Н. Ю. Полиморфизм гена β -лактоглобулина (LGB) и его взаимосвязь с экономически важными признаками голштинского скота / Н. Ю. Сафина, Ф. Ф. Зиннатова, Ю. Р. Юльметьева, Ш. К. Шакиров, Т. М. Ахметов, Э. Р. Гайнутдинова // Достижения науки и техники АПК. – 2018. – № 9. – С. 79-80. DOI: 10.24411/0235-2451-2018-10918
128. Селионова, М. И. Геномные технологии в селекции сельскохозяйственных животных / М. И. Селионова, А. М. М. Айбазов // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. – 2014. – Т. 1, № 7. – С. 140-145.
129. Сермягин, А. А. Генетический и геномный прогноз племенной ценности быков-производителей черно-пестрой и голштинской пород в России / А. А. Сермягин, Н. А. Зиновьева // Достижения науки и техники АПК. – 2019. – Т. 33, № 12. – С. 77-82. – DOI 10.24411/0235-2451-2019-11216.
130. Сермягин, А. А. Использование высокопроизводительной инфракрасной спектроскопии при изучении полногеномных ассоциаций с жирнокислотным и компонентным составом молока у коров (*Bos taurus*) / А. А. Сермягин, Л. П. Игнатьева, И. А. Лашнева [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2022. – Т. 57, № 6. – С. 1083-1100. – DOI 10.15389/agrobiology.2022.6.1083rus.
131. Сермягин, А. А. Моделирование и оценка лактационной деятельности коров / А. А. Сермягин, В. И. Сельцов // Достижения науки и техники АПК. – 2015. – Т. 29, № 1. – С. 42-45.
132. Сермягин, А. А. Морфологический состав соматических клеток в молоке коров как критерий оценки здоровья молочной железы в связи с продуктивностью и компонентами молока / А. А. Сермягин, И. А. Лашнева, А. А. Косицин [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56, № 6. – С. 1183-1198. – DOI 10.15389/agrobiology.2021.6.1183rus.
133. Сермягин, А. А. 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 [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – Т. 51, № 2. – С. 182-193. – DOI 10.15389/agrobiology.2016.2.182rus.

134. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства / ФАО ; пер. с англ. – Москва : ВИЖ РАСХН, 2010.

135. Состояние молочного скотоводства в Российской Федерации / Г. И. Шичкин, И. М. Дунин, Е. Е. Тяпугин [и др.] // Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2023 год). – Лесные Поляны : ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела", 2024. – С. 3-23.

136. Состояние молочного скотоводства в Российской Федерации / Г. И. Шичкин, Е. Е. Тяпугин, И. М. Дунин [и др.] // Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2022 год). – Лесные Поляны : ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела", 2023. – С. 3-20.

137. Состояние скотоводства в Российской Федерации / А. Ф. Шевхужев, Н. Д. Виноградова, М. Б. Улимбашев, Р. А. Улимбашева // Научное обеспечение развития АПК в условиях импортозамещения : сборник научных трудов / Министерство сельского хозяйства Российской Федерации, Санкт-Петербургский государственный аграрный университет. – Санкт-Петербург : Санкт-Петербургский государственный аграрный университет, 2018. – Том Часть I. – С. 288-291.

138. Сохранение генетического разнообразия крупного рогатого скота – основа успешного развития животноводства / Х. А. Амерханов, Г. С. Шеховцев, Е. М. Колдаева, И. П. Прохоров // Молочное и мясное скотоводство. – 2023. – № 1. – С. 3-6. – DOI 10.33943/MMS.2023.61.29.001.

139. Сравнительный анализ жирнокислотного состава молока от коров красной степной породы в условиях разных природно-климатических зон Северного Кавказа / С. А. Олейник, В. С. Скрипкин, А. В. Лесняк [и др.] // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. – 2023. – Т. 15, № 4. – С. 236-259. – DOI 10.12731/2658-6649-2023-15-4-236-259.

140. 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. – DOI 10.31857/S0016675820090143.

141. Стрижко, М. Н. Влияние генотипа каппа-казеина на способность молока к сычужному свертыванию / М. Н. Стрижко // Научные исследования и инновации : Сборник статей XI Международной научно-практической конференции, Саратов, 02 сентября 2021 года. – Саратов: Индивидуальный предприниматель Емельянов Николай Владимирович, 2021. – С. 84-89.

142. Тагмазян, А. А. Метод ПЦР в реальном времени для детекции полиморфизма ss52050737 гена *Ihscgr* крупного рогатого скота / А. А. Тагмазян, А. Л. Архипова, С. Н. Ковальчук // Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований. – 2019. – № 7. – С. 88-92. – DOI 10.17513/mjpf.12805.

143. Татаркина, Н. И. Применение экстерьерной оценки в селекции крупного рогатого скота голштинской породы / Н. И. Татаркина, М. А. Свяженина, Е. А. Понома-

рева // Аграрный вестник Урала. – 2023. – Т. 23, № 10. – С. 81-90. – DOI: 10.32417/1997-4868-2023-23-10-81-90.

144. Тарчоков, Т. Т. Продуктивные и экстерьерные особенности голштинского и голштинизированного скота / Т. Т. Тарчоков, З. М. Айсанов, Р. З. Абдулхаликов [и др.] // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2023. – № 2(73). – С. 117-123.

145. Тихомиров, И. А. Продуктивное долголетие коров и анализ причин их выбытия / И. А. Тихомиров, В. К. Скоркин, В. П. Аксенова, О. Л. Андрюхина // Вестник Всероссийского научно-исследовательского института механизации животноводства. – 2016. – № 1(21). – С. 64-72.

146. Тихомиров, И. А. Технологические особенности использования доильных роботов в молочном скотоводстве / И. А. Тихомиров, В. К. Скоркин // Техника и технологии в животноводстве. – 2020. – № 1(37). – С. 32-37.

147. Токарчук, Т. А. β -казеин *Bos taurus*: структура белка, полиморфизм гена, влияние на желудочно-кишечный тракт человека (обзор) / Т. А. Токарчук, И. С. Кожевникова, М. А. Кудрина // Сельскохозяйственная биология. – 2023. – Т. 58, № 4. – С. 598-608. – DOI 10.15389/agrobiology.2023.4.598rus.

148. Трухачев, В. И. Селекция молочного скота стран Северной Европы: стратегия, методы, результаты (I часть) / В. И. Трухачев, Н. З. Злыднев, М. И. Селионова // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 4. – С. 2-5.

149. Трухачев, В. И. ДНК-диагностика наследственных заболеваний молочного скота / В. И. Трухачев, М. И. Селионова, Л. Н. Чижова [и др.] // Вестник АПК Ставрополья. – 2017. – № 2(26). – С. 120-125.

150. Тяпугин, Е. А. Продуктивное долголетие коров черно – пестрой породы при различных способах содержания и технологиях доения / Е. А. Тяпугин, И. С. Сереброва, Н. И. Абрамова [и др.] // Владимирский земледелец. – 2016. – № 4(78). – С. 45-46.

151. Тяпугин С. Е., Горюнова Т. Ж., Фоменко П. А. Биохимический состав крови молочных коров в зависимости от их продуктивности // Сборник научных трудов СКНИИЖ. 2014. №2. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/biohimicheskiy-sostav-krovi-molochnyh-korov-v-zavisimosti-ot-ih-produktivnosti> (дата обращения: 19.09.2025).

152. Улимбашев, М. Б. Рациональное использование и проблема сохранения локальных пород молочного скота (обзор) / М. Б. Улимбашев, Н. В. Коник, О. А. Краснова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2024. – Т. 59, № 6. – С. 1055-1075. – DOI 10.15389/agrobiology.2024.6.1055rus.

153. Худякова, Н. А. Распределение генотипа бета-казеина в двух поколениях у коров холмогорской породы / Н. А. Худякова, О. В. Тулинова, И. С. Кожевникова [и др.] // Аграрный научный журнал. – 2023. – № 10. – С. 134-139. – DOI 10.28983/asj.y2023i10pp134-139.

154. Худякова, Н. А. Генетические маркеры молочной продуктивности крупного рогатого скота (обзор) / Н. А. Худякова, М. А. Кудрина, А. О. Ступина [и др.] // Эффективное животноводство. – 2022. – № 6(181). – С. 74-77. – DOI 10.24412/cl-33489-2022-6-74-77.

155. Черненко, В. В. Эффективность разных методов диагностики мастита у коров / В. В. Черненко, М. А. Ткачев, Ю. Н. Черненко // Вестник Брянской государственной сельскохозяйственной академии. – 2019. – № 4 (74). – URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/effektivnost-raznyh-metodov-diagnostiki-mastita-u-korov> (дата обращения: 24.08.2025).
156. Чинаров, В. И. Организационно-экономические решения повышения доходности и расширенного воспроизводства в скотоводстве / В. И. Чинаров, Н. И. Стрекозов, А. В. Чинаров // Экономика сельского хозяйства России. – 2017. – № 6. – С. 60-64.
157. Шагам, Л. И. Возможности и ограничения высокопроизводительного селекционирования в диагностике моногенных заболеваний / Л. И. Шагам, В. Ю. Воинова // Российский вестник перинатологии и педиатрии. – 2016. – Т. 61, № 2. – С. 105-109.
158. Шайдуллин, Р. Р. Комплексное влияние полиморфизма генов CSN3 и DGAT1 на молочную продуктивность черно-пестрого скота / Р. Р. Шайдуллин, А. С. Ганиев // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2017. – № 1(37). – С. 156-159. – DOI 10.18286/1816-4501-2017-1-156-159.
159. Шаркаев, В. И. Динамика численности и продуктивности молочного скота в Российской Федерации / В. И. Шаркаев, Г. А. Шаркаева // Молочная промышленность. – 2013. – № 7. – С. 10-11.
160. Шаркаева, Г. А. Импорт крупного рогатого скота на территорию Российской Федерации и результаты его использования / Г. А. Шаркаева // Молочное и мясное скотоводство. – 2013. – № 8. – С. 18-20.
161. Шевелева, О. М. Биологические и продуктивные особенности коров черно-пестрой породы с разными генотипами каппаказеина и пролактина / О. М. Шевелева, М. А. Часовщикова // Достижения науки и техники АПК. – 2018. – Т. 32, № 9. – С. 74-77. – DOI 10.24411/0235-2451-2018-10917.
162. Юрченко, Е. Н. История формирования и фенотипические особенности стада крупного рогатого скота джерсейской породы / Е. Н. Юрченко, И. П. Иванова, Н. А. Юрк // Технологии пищевой и перерабатывающей промышленности АПК – продукты здорового питания. – 2021. – № 4. – С. 132-139. – DOI 10.24412/2311-6447-2021-4-132-139.
163. Яковлева, С. Е. Влияние экстерьерных показателей и типа конституции на уровень молочной продуктивности коров черно-пестрой породы / С. Е. Яковлева, С. И. Шепелев, Е. А. Лемеш // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. – 2018. – № 21-1. – С. 11-16.
164. Al-Khudhair, A. Marker selection and genomic prediction of economically important traits using imputed high-density genotypes for 5 breeds of dairy cattle / A. Al-Khudhair, P. M. VanRaden, D. J. Nisler [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2021. – Vol. 104, № 4. – P. 4478-4485. – DOI: 10.3168/jds.2020-19260.
165. Amiri, S. Assessment of growth hormone gene polymorphism effects on reproductive traits in Holstein dairy cattle in Tunisia / S. Amiri, B. Jemmali, M. A. Ferchichi, H. Jeljeli, R. Boulbaba, A. Ben Gara // Archives of Animal Breeding. – 2018. – Vol. 61. – P. 481-489. – DOI 10.5194/aab-61-481-2018.

166. Anamika, M. A. Evaluation of candidate genotype of GH gene associated with growth, production and reproduction traits in Dairy Cows / M. A. Anamika, Y. C. Bangar, B. S. Malik [et al.] // *Reproduction in Domestic Animals*. – 2022. – Vol. 57. – P. 711-721. – DOI: 10.1111/rda.14110.
167. Arthur Donovan, G. Factors associated with first service conception in artificially inseminated nulliparous Holstein heifers / G. Arthur Donovan, L. Fred Bennett, S. Frederick Springer // *Theriogenology*. – 2003. – Vol. 60, Issue 1. – P. 67-75. – DOI 10.1016/S0093-691X(02)01296-7.
168. Aslam, N. Evaluation of different milking practices for optimum production performance in Sahiwal cows / N. Aslam, M. Abdullah, M. Fiaz [et al.] // *Journal of Animal Science and Technology*. – 2014. – Vol. 56. – Art. 13. – DOI: 10.1186/2055-0391-56-13.
169. Bai, Y. Current status and future perspectives for sequencing livestock genomes / Y. Bai, M. Sartor, J. Cavalcoli // *Journal of Animal Science and Biotechnology*. – 2012. – Vol. 3. – P. 8. – DOI 10.1186/2049-1891-3-8.
170. Bayraktar, M. A meta-analysis of the association between Growth Hormone (GH) gene polymorphism (AluI) and growth traits in cattle breeds / M. Bayraktar, M. Özdemir // *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*. – 2022. – Vol. 73. – P. 4657-4666. – DOI 10.12681/jhvms.29407.
171. Ben Farhat, L. Genotypic effects of b-casein in milk composition in Jersey cows / L. Ben Farhat, A. Hoarau, V. Tóth, A. Suli, K. S. Labas, F. Abidi, E. Mikó // *Black Sea Journal of Agriculture*. – 2023. – Vol. 6. – P. 649-654. – DOI 10.47115/bsagriculture.1297156.
172. Bjelland, D. W. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding / D. W. Bjelland, K. A. Weigel, N. Vukasinovic, J. D. Nkrumah // *Journal of Dairy Science*. – 2013. – Vol. 96. – P. 4697–4706. – DOI 10.3168/jds.2012-6435.
173. Blackburn, H. D. Impact of genetic drift on access and benefit sharing under the nagoya protocol: the case of the Meishan pig / H. D. Blackburn, Y. Plante, G. Rohrer, E. W. Welch, S. R. Paiva // *Journal of Animal Science*. – 2014. – Vol. 92. – P. 1405–1411. – DOI 10.2527/jas.2013-7274.
174. Bora, S. K. Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers / S. K. Bora, T. S. Tessema, G. Girmay // *Genetics Research*. – 2023. – Art. 1106755. – DOI: 10.1155/2023/1106755.
175. Botstein, D. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein, R. L. White, M. Skolnick, R. W. Davis // *American Journal of Human Genetics*. – 1980. – Vol. 32, Issue 3. – P. 314-331.
176. Boyle, L. Animal welfare research – progress to date and future prospects / L. Boyle, M. Conneely, E. Kennedy, N. O'Connell, K. O'Driscoll, B. Earley // *Irish Journal of Agricultural and Food Research*. – 2022. – Vol. 61. – DOI 10.15212/ijafr-2020-0151.
177. Busanello, M. Body growth of replacement dairy heifers from 3 distinct genetic groups from commercial Brazilian dairy herds / M. Busanello, D. G. Sousa, M. Poczynek, R. de Almeida, C. M. M. Bittar, F. A. C. Mendona, D. P. D. Lanna // *Journal of Dairy Science*. – 2022. – Vol. 105, Issue 4. – P. 3222-3233. – DOI 10.3168/jds.2021-21197.

178. Capper, J. L. A comparison of the environmental impact of Jersey compared with Holstein milk for cheese production / J. L. Capper, R. M. Cady // *Journal of Dairy Science*. – 2012. – Vol. 95, Issue 1. – P. 165–176. – DOI 10.3168/jds.2011-4360.
179. Chikhi, L. Population genetic structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the Jersey, and its implications for genetic resource management / L. Chikhi, B. Goossens, A. Treanor, M. W. Bruford // *Heredity*. – 2004. – Vol. 92, Issue 5. – P. 396–401. – DOI 10.1038/sj.hdy.6800433.
180. Chuck, G. M. Early-life events associated with first-lactation performance in pasture-based dairy herds / G. M. Chuck, P. D. Mansell, M. A. Stevenson, M. M. Izzo // *Journal of Dairy Science*. – 2018. – Vol. 101, Issue 4. – P. 3488–3500. – DOI 10.3168/jds.2017-12626.
181. Cobanoglu, O. Determination of the association of GHR/AluI gene polymorphisms with milk yield traits in Holstein and Jersey cattle raised in Turkey / O. Cobanoglu, E. Kul, E. K. Gurcan, S. H. Abaci, S. Cankaya // *Archives Animal Breeding*. – 2021. – Vol. 64. – P. 417–424. – DOI 10.5194/aab-64-417-2021.
182. Cole, J. B. Genome-wide association analysis of thirty one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary U.S. Holstein cows / J. B. Cole, G. R. Wiggans, L. Ma, T. S. Sonstegard, T. J. Lawlor Jr., B. A. Crooker, C. P. Van Tassell, J. Yang, S. Wang, L. K. Matukumalli, Y. Da // *BMC Genomics*. – 2011. – Vol. 12. – P. 408. – DOI 10.1186/1471-2164-12-408.
183. Collier, R. J. Shade Management in Subtropical Environment for Milk Yield and Composition in Holstein and Jersey Cows / R. J. Collier, R. M. Eley, A. K. Sharma, R. M. Pereira, D. E. Buffington // *Journal of Dairy Science*. – 1981. – Vol. 64, Issue 5. – P. 844–849. – DOI 10.3168/jds.S0022-0302(81)82656-2.
184. Dario, C. Polymorphism of Growth Hormone GH1-AluI in Jersey Cows and Its Effect on Milk Yield and Composition / C. Dario, D. Carnicella, F. Ciotola, V. Peretti, G. Bufano // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. – 2008. – Vol. 21. – P. 1–5. – DOI 10.5713/ajas.2008.60586.
185. DeAtley, K. L. Genetic analyses involving microsatellite ETH10 genotypes on bovine chromosome 5 and performance trait measures in Angus- and Brahman-influenced cattle / K. L. DeAtley, G. Rincon, C. R. Farber [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2011. – Vol. 89, № 7. – P. 2031–2041. – DOI: 10.2527/jas.2010-3293.
186. Demeter, R. M. Relationships between milk protein composition, milk protein variants, and cow fertility traits in Dutch Holstein-Friesian cattle / R. M. Demeter, K. Markiewicz, J. A. M. van Arendonk, H. Bovenhuis // *Journal of Dairy Science*. – 2010. – Vol. 93, Issue 11. – P. 5495–5502. – DOI 10.3168/jds.2010-3525.
187. Deng, Z. Performance of Online Somatic Cell Count Estimation in Automatic Milking Systems / Z. Deng, H. Hogeveen, T. J. G. M. Lam [et al.] // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2020. – Vol. 7. – Art. 221. – DOI: 10.3389/fvets.2020.00221.
188. Egito, A. A. Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças bovinas no Brasil com base em microssatélites e haplótipos de DNA mitocondrial: Subsídios para a conservação : Tese de doutoramento / A. A. Egito. – Universidade de Brasília, 2007. – 246 p.

189. El-Komy, S. M. Association of GH polymorphisms with growth traits in buffaloes / S. M. El-Komy, A. A. Saleh, R. M. Abd El-Aziz, M. A. El-Magd // *Domestic Animal Endocrinology*. – 2021. – Vol. 74. – Art. no. 106541. – DOI 10.1016/j.domaniend.2020.106541.
190. Esposito, A. Bioinformatics for agriculture in the Next-Generation sequencing era / A. Esposito, C. Colantuono, V. Ruggieri [et al.] // *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*. – 2016. – Vol. 3. – P. 9. – DOI 10.1186/s40538-016-0054-8.
191. FAO. Greenhouse gas emissions from the dairy sector: A life cycle assessment / FAO. – Rome, Italy : Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2010.
192. Fitzsimmons, C. J. A potential association between the BM1500 microsatellite and fat deposition in beef cattle / C. J. Fitzsimmons, S. M. Schmutz, R. D. Bergen, J. J. McKinnon // *Mammalian Genome*. – 1998. – Vol. 9, Issue 6. – P. 432–434.
193. Goncharenko, I. Джерсейская порода скота в молочной индустрии США / I. Goncharenko, D. Vynnychuk // *Науковий вісник НУБіП України. Серія: Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва*. – 2014. – № 202. – P. 142-148.
194. Grimard, B. Genetic and environmental factors influencing first service conception rate and late embryonic/foetal mortality in low fertility dairy herds / B. Grimard, S. Freret, A. Chevallier, A. Pinto, C. Ponsart, P. Humblot // *Animal Reproduction Science*. – 2006. – Vol. 91, Issues 1–2. – P. 31-44. – DOI 10.1016/j.anireprosci.2005.03.003.
195. Gustavsson, F. Effects of breed and casein genetic variants on protein profile in milk from Swedish Red, Danish Holstein, and Danish Jersey cows / F. Gustavsson, A. J. Buitenhuis, M. Johansson [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2014. – Vol. 97. – P. 3866-3877. – DOI 10.3168/jds.2013-7312.
196. Han, L. Relationship of body weight at first calving with milk yield and herd life / L. Han, A. J. Heinrichs, A. De Vries, C. D. Dechow // *Journal of Dairy Science*. – 2021. – Vol. 104, Issue 1. – P. 397-404. – DOI 10.3168/jds.2020-19214.
197. Handcock, R. C. Positive relationships between body weight of dairy heifers and their first-lactation and accumulated three-parity lactation production / R. C. Handcock, N. Lopez-Villalobos, L. R. McNaughton, P. J. Back, G. R. Edwards, R. E. Hickson // *Journal of Dairy Science*. – 2019. – Vol. 102, Issue 5. – P. 4577-4589. – DOI 10.3168/jds.2018-15229.
198. Hariyono, D. Application of microsatellite markers for genetic diversity analysis of Indonesian local cattle / D. Hariyono // *Indonesian Bulletin of Animal and Veterinary Sciences*. – 2022. – Vol. 32, № 2. – P. 105-118.
199. Huson, H. J. A Genetic Investigation of Island Jersey Cattle, the Foundation of the Jersey Breed: Comparing Population Structure and Selection to Guernsey, Holstein, and United States Jersey Cattle / H. J. Huson, T. S. Sonstegard, J. Godfrey, D. Hambrook, C. Wolfe, G. Wiggans, H. Blackburn, C. P. VanTassell // *Frontiers in Genetics*. – 2020. – Vol. 11. – Art. no. 366. – DOI 10.3389/fgene.2020.00366.
200. Jurkovich, V. The effects of heat stress in Jersey, Hungarian Simmental and Holstein-Friesian cows / V. Jurkovich, B. Somoskői, L. Kovács, M. Bakony // *Journal of Animal and Feed Sciences*. – 2023. – Vol. 32, Issue 1. – P. 68-75. – DOI 10.22358/jafs/155410/2022.

201. Kabakcı, D. Determination of Milk Production Characteristics, Phenotypic, Genetic and Environmental Trends in Jersey Cattle / D. Kabakcı, R. Aydın // *KSU Journal of Agriculture and Nature*. – 2022. – Vol. 25, Issue 3. – P. 629–639. – DOI 10.18016/ksutarimdog.vi.957343.

202. Kassahun, A. Non-Genetic Evaluation of Productive and Reproductive Traits for Pure Jersey Cattle at Wolaita Sodo Dairy Farm, South Ethiopia / A. Kassahun, Y. Tadesse, Z. Yilma, K. Kebede // *East African Journal of Veterinary and Animal Sciences*. – 2023. – Vol. 7, Issue 2. – P. 57–64.

203. Keller, M. C. Quantification of inbreeding due to distant ancestors and its detection using dense single nucleotide polymorphism data / M. C. Keller, P. M. Visscher, M. E. Goddard // *Genetics*. – 2011. – Vol. 189. – P. 237–249. – DOI 10.1534/genetics.111.130922.

204. Kim, E. S. Recent artificial selection in U.S. Jersey cattle impacts autozygosity levels of specific genomic regions / E. S. Kim, T. S. Sonstegard, M. F. Rothschild // *BMC Genomics*. – 2015. – Vol. 16. – Art. no. 302. – DOI 10.1186/s12864-015-1500-x.

205. Kim, J. J. Detection of quantitative loci for growth and beef traits in a cross between Bos (Angus) and Bos indicus (Brahman) cattle / J. J. Kim, F. Farnir, J. Savell, J. F. Taylor // *Journal of Animal Science*. – 2003. – Vol. 81, Issue 8. – P. 1933–1942.

206. Kneeland, J. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for growth traits on bovine chromosomes 2, 6, 14, 19, 21, and 23 within one commercial line of Bos taurus / J. Kneeland, C. Li, J. Basarab [et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2004. – Vol. 82, № 12. – P. 3405–3414. – DOI: 10.2527/2004.82123405x.

207. Konopiński, M. Shannon diversity index: a call to replace the original Shannon's formula with unbiased estimator in the population genetics studies / M. Konopiński // *PeerJ*. – 2020. – Vol. 8. – Art. e9391. – DOI: 10.7717/peerj.9391.

208. Kovács, K. Associations between the AluI polymorphism of growth hormone gene and production and reproduction traits in a Hungarian Holstein-Friesian bull dam population / K. Kovács, J. Völgyi-Csík, A. Zsolnai, I. Györkös, L. Fésüs // *Archives of Animal Breeding*. – 2006. – Vol. 49. – P. 236–249. – DOI 10.5194/aab-49-236-2006.

209. Kramarenko, A. Principal Component Analysis of Body Weight Traits and Subsequent Milk Production in Red Steppe Breed Heifers / A. Kramarenko, H. Kalynychenko, R. Susol, N. Papakina, S. Kramarenko // *Proceedings of the Latvian Academy of Sciences. Section B. Natural, Exact, and Applied Sciences*. – 2022. – Vol. 76. – P. 307–313. – DOI 10.2478/prolas-2022-0044.

210. Kramarenko, A. Polymorphism and association of STR loci with growth traits in heifers of the Southern beef cattle / A. Kramarenko, S. Kramarenko // *Taurian Scientific Herald*. – 2020. – Vol. 113. – P. 181–192. – DOI 10.32851/2226-0099.2020.113.25.

211. Lali, F. A. Microsatellite BM1500 polymorphism and milk production traits in Vechur and crossbred cattle of Kerala / F. A. Lali, K. A. Bindu // *Veterinarski arhiv*. – 2011. – Vol. 81, Issue 1. – P. 35–42.

212. Lali, F. A. Novel SNP and Unique Sequences in ATP-binding Cassette Super Family-G Member-2 Transporter (ABCG2) Gene of Vechur cattle (Bos indicus) / F. A. Lali,

K. Anilkumar, T. V. Aravindakshan // *Indian Journal of Animal Research*. – 2018. – Vol. 52, Issue 10. – P. 1413-1415. – DOI 10.18805/ijar.B-3399.

213. Lam, S. Identification of functional candidate variants and genes for feed efficiency in Holstein and Jersey cattle breeds using RNA-sequencing / S. Lam, F. Miglior, P. A. S. Fonseca [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2021. – Vol. 104, Issue 2. – P. 1928–1950. – DOI 10.3168/jds.2020-18241.

214. Lam, T. Mastitis diagnostics and performance monitoring: a practical approach / T. Lam, R. Olde Riekerink, O. Sampimon [et al.] // *Irish Veterinary Journal*. – 2009. – Vol. 62, Suppl. 4. – Art. S34. – DOI: 10.1186/2046-0481-62-S4-S34.

215. Li, Y. Analysis of the relationship between short tandem repeats and lactation performance of Xinjiang Holstein cows / Y. Li, L. Liu, A. Zunongjiang [et al.] // *Tropical Animal Health and Production*. – 2023. – Vol. 55, № 4. – Art. 238. – DOI: 10.1007/s11250-023-03651-y.

216. Lim, D. The effect of seasonal thermal stress on milk production and milk compositions of Korean Holstein and Jersey cows / D. Lim, V. Mayakrishnan, K. Ki, Y. Kim, T. Kim // *Animal Bioscience*. – 2021. – Vol. 34, Issue 4. – P. 567-574. – DOI 10.5713/ajas.19.0926.

217. Luštrek, B. Genomic evaluation of Brown Swiss dairy cattle with limited national genotype data and integrated external information / B. Luštrek, J. Vandenplas, G. Gorjanc, K. Potočnik // *Journal of Dairy Science*. – 2021. – Vol. 104, Issue 5. – P. 5738-5754. – DOI 10.3168/jds.2020-19493.

218. Mackle, T. R. Feed conversion efficiency, daily pasture intake, and milk production of primiparous Friesian and Jersey cows calved at two different liveweights / T. R. Mackle, C. R. Parr, G. K. Stakelum, A. M. Bryant, K. L. MacMillan // *New Zealand Journal of Agricultural Research*. – 1996. – Vol. 39, Issue 3. – P. 357–370. – DOI 10.1080/00288233.1996.9513195.

219. Mai, M. D. A genome-wide association study for milk production traits in Danish Jersey cattle using a 50K single nucleotide polymorphism chip / M. D. Mai, G. Sahana, F. B. Christiansen, B. Guldbbrandtsen // *Journal of Animal Science*. – 2010. – Vol. 88, Issue 11. – P. 3522-3528. – DOI 10.2527/jas.2009-2713.

220. Maxa, J. Genome-wide association mapping of milk production traits in Braunvieh cattle / J. Maxa, M. Neuditschko, I. Russ, M. Förster, I. Medugorac // *Journal of Dairy Science*. – 2012. – Vol. 95, Issue 9. – P. 5357-5364. – DOI 10.3168/jds.2011-4673.

221. Melka, M. G. Analysis of genetic diversity in Brown Swiss, Jersey and Holstein populations using genome-wide single nucleotide polymorphism markers / M. G. Melka, F. S. Schenkel // *BMC Research Notes*. – 2012. – Vol. 5. – Art. 161. – DOI: 10.1186/1756-0500-5-161.

222. Mullen, M. P. Associations between novel single nucleotide polymorphisms in the *Bos taurus* growth hormone gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle / M. P. Mullen, D. P. Berry, D. J. Howard [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2010. – Vol. 93, Issue 12. – P. 5959-5969. – DOI 10.3168/jds.2010-3385.

223. Nani, J. P. Discovering ancestors and connecting relatives in large genomic databases / J. P. Nani, L. R. Bacheller, J. B. Cole, P. M. VanRaden // *Journal of Dairy Science*. – 2019. – Vol. 103, Issue 2. – P. 1729-1734. – DOI 10.3168/jds.2019-17580.
224. Napolitano, F. Exploitation of microsatellites as genetic markers of beef performance in Piemontese × Chianina crossbred cattle / F. Napolitano, P. Leone, S. Puppo [et al.] // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 1996. – Vol. 113, Issues 1–6. – P. 157–162.
225. Nascimento, B. M. Effects of type traits, inbreeding, and production on survival in US Jersey cattle / B. M. Nascimento, C. W. Wolfe, K. A. Weigel, F. Peñagaricano // *Journal of Dairy Science*. – 2023. – Vol. 106, Issue 7. – P. 4825–4835. – DOI 10.3168/jds.2022-23048.
226. Oleinik, S. A. Assessment of the Productive Qualities of the First Heifers of the Jersey Breed / S. A. Oleinik, A. V. Lesnyak // *Innovations in Sustainable Agricultural Systems : [conference proceedings]*, Stavropol-Samarkand, 04–05 марта 2024 года. – Cham : Springer Nature Switzerland AG, 2024. – P. 218-228. – DOI: 10.1007/978-3-031-70673-8_24.
227. Oleinik, S. A. Seasonal changes in milk quality indicators jersey cows / S. A. Oleinik, A. V. Lesnyak, D. A. Filatov [et al.] // *BIO Web of Conferences : International Scientific and Practical Conference “Methods for Synthesis of New Biologically Active Substances and Their Application in Various Industries of the World Economy – 2023” (MSNBAS2023)*, Moscow, 05–06 декабря 2023 года. – Les Ulis, 2024. – P. 02002. – DOI: 10.1051/bioconf/20248202002.
228. Oliveira, H. R. Single-step genome-wide association for longitudinal traits of Canadian Ayrshire, Holstein, and Jersey dairy cattle / H. R. Oliveira, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2019. – Vol. 102. – P. 9995-10011. – DOI 10.3168/jds.2019-16821.
229. Olthof, L. A. Analysis of Jersey versus Holstein breed profitability on north central US dairies / L. A. Olthof, J. J. Domecq, B. J. Bradford // *JDS Communications*. – 2023. – Vol. 4. – P. 344–348. – DOI 10.3168/jdsc.2023-0371.
230. Opoola, O. From a documented past of the Jersey breed in Africa to a profit index linked future / O. Opoola, F. Shumbusho, D. Hambrook [et al.] // *Frontiers in Genetics*. – 2022. – Vol. 13. – Art. no. 881445. – DOI 10.3389/fgene.2022.881445.
231. Opoola, O. Genetic structure and diversity of Jersey dairy cattle in Rwanda / O. Opoola, F. Shumbusho, R. Mrode, D. Hambrook, M. Chagunda, D. Moran, A. Djikeng // *Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*. – 2023. – P. 1741-1744. – DOI 10.3920/978-90-8686-940-4_418.
232. Panigrahi, M. Genomic insights into key genes and QTLs involved in cattle reproduction / M. Panigrahi, D. Rajawat, S. S. Nayak [et al.] // *Gene*. – 2024. – Vol. 917. – Art. no. 148465. – DOI 10.1016/j.gene.2024.148465.
233. Peakall, R. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // *Bioinformatics*. – 2012. – Vol. 28, № 19. – P. 2537–2539.
234. Ratwan, P. Bayesian approach for assessment of co-variances and genetic parameters of economically important traits in Sahiwal cattle / P. Ratwan, M. Kumar, A. K.

Chakravarty // *Tropical Animal Health and Production*. – 2024. – DOI 10.21203/rs.3.rs-3905504/v1.

235. Rodney, R. M. Precalving and early lactation factors that predict milk casein and fertility in the transition dairy cow / R. M. Rodney, J. K. Hall, C. T. Westwood, P. Celi, I. J. Lean // *Journal of Dairy Science*. – 2016. – Vol. 99, Issue 9. – P. 7554-7567. – DOI 10.3168/jds.2015-10275.

236. Rogberg-Muñoz, A. Association of bovine chromosome 5 markers with birth and weaning weight in Hereford cattle raised under extensive conditions / A. Rogberg-Muñoz, L. Melucci, A. Prando [et al.] // *Livestock Science*. – 2011. – Vol. 135, № 2-3. – P. 124-130. – DOI: 10.1016/j.livsci.2010.06.160.

237. Saadullah, M. Effect of increasing pre-pubertal concentrate levels on reproductive and lactation performance of Nili-Ravi Buffalo heifers / M. Saadullah, Z. M. Iqbal, M. Naveed-ul-Haque, Hifzulrahman, J. A. Bhatti, M. Abdullah // *Tropical Animal Health and Production*. – 2020. – Vol. 52, Issue 6. – P. 2897-2903. – DOI 10.1007/s11250-020-02285-8.

238. Saleh, A. A. IGF-I and GH Genes polymorphism and their association with milk yields, composition and reproductive performance in Holstein–Friesian dairy cattle / A. A. Saleh, T. G. M. Hassan, D. K. A. EL-Hedainy [et al.] // *BMC Veterinary Research*. – 2024. – Vol. 20. – Art. 341. – DOI: 10.1186/s12917-024-04188-4.

239. Salte, R. Designing a replacement heifer rearing strategy: Effects of growth profile on performance of Norwegian Red heifers and cows / R. Salte, K. S. Storli, J. K. Sommerseth, H. Volden, G. Klemetsdal // *Journal of Dairy Science*. – 2020. – Vol. 103, Issue 11. – P. 10835-10849. – DOI 10.3168/jds.2020-18385.

240. Sharma, R. Genetic diversity and differentiation of Thutho cattle from northeast India using microsatellite markers / R. Sharma, S. Ahlawat, R. Pundir [et al.] // *Animal Biotechnology*. – 2023. – Vol. 34, № 9. – P. 5016-5027. – DOI: 10.1080/10495398.2023.2221704.

241. Schrooten, C. Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle / C. Schrooten, H. Bovenhuis, W. Coppieters, J. A. M. Van Arendonk // *Journal of Dairy Science*. – 2000. – Vol. 83, Issue 4. – P. 795–806.

242. Sebastiani, C. Frequencies Evaluation of β -Casein Gene Polymorphisms in Dairy Cows Reared in Central Italy / C. Sebastiani, C. Arcangeli, M. Ciullo [et al.] // *Animals*. – 2020. – Vol. 10, № 2. – Art. 252. – DOI: 10.3390/ani10020252.

243. Silveira, P. A. S. Association of polymorphisms in the IGF-I, GHR and STAT5A genes with serum IGF-I concentration and reproductive performance of Holstein dairy cows / P. A. S. Silveira, W. R. Butler, T. C. da Silva, C. C. Barros, M. N. Corrêa, A. Schneider // *Animal Reproduction Science*. – 2019. – Vol. 211. – Art. no. 106206. – DOI 10.1016/j.anireprosci.2019.106206.

244. Singh, P. A. Identification of Genetic Variants in ABCG2 Gene Influencing Milk Production Traits in Dairy Cattle / P. A. Singh, A. K. Chakravarty, M. A. Mir, A. Arya, M. Singh // *Indian Journal of Animal Research*. – 2019. – Vol. 54, Issue 3. – P. 275-281. – DOI 10.18805/ijar.B-3770.

245. Srikanth, K. Genetic diversity and inbreeding in US Jersey population and germplasm collection / K. Srikanth, M. A. Jaafar, C. W. Wolfe, H. Huson, C. P. Tassell, H.

Blackburn // Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP). – 2023. – P. 1029-1032. – DOI 10.3920/978-90-8686-940-4_243.

246. Stachowicz, K. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian holstein and jersey cattle / K. Stachowicz, M. Sargolzaei, F. Miglior, F. S. Schenkel // *Journal of Dairy Science*. – 2011. – Vol. 94. – P. 5160–5175. – DOI 10.3168/jds.2010-3308.

247. Stephen, M. A. Genome-wide association study of age at puberty and its (co)variances with fertility and stature in growing and lactating Holstein-Friesian dairy cattle / M. A. Stephen, C. R. Burke, N. Steele [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2024. – Vol. 107. – P. 3700-3715. – DOI 10.3168/jds.2023-23963.

248. Study of daily dynamics of cow milk quality indicators / V. Trukhachev, S. Oliinyk, N. Zlydnev [et al.] // International Scientific-Practical Conference “Agriculture and Food Security: Technology, Innovation, Markets, Human Resources” (FIES 2021) : Agriculture and Food Security: Technology, Innovation, Markets, Human Resources, Kazan, 28–29 мая 2021 года. Vol. 37. – Kazan: EDP Sciences, 2021. – P. 00091. – DOI 10.1051/bioconf/20213700091.

249. Tarasova, E. Gene markers of the productive characteristics of dairy cattle (review) / E. Tarasova, S. Notova // *Animal Husbandry and Fodder Production*. – 2020. – Vol. 103. – P. 58-80. – DOI 10.33284/2658-3135-103-3-58.

250. Tautz, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers / D. Tautz // *Nucleic Acids Research*. – 1989. – Vol. 17, Issue 16. – P. 6463-6471. – DOI 10.1093/nar/17.16.6463.

251. Thompson, J. R. Effects of Inbreeding on Production and Survival in Jerseys / J. R. Thompson, R. W. Everett, C. W. Wolfe // *Journal of Dairy Science*. – 2000. – Vol. 83, Issue 9. – P. 2131-2138. – DOI 10.3168/jds.S0022-0302(00)75096-X.

252. Tirfie, F. W. Genetic and Phenotypic Relationship of Age at First Calving and Early Growth Traits of Holstein Friesian×Boran Crossbred Dairy Cattle / F. W. Tirfie // *Global Journal of Animal Scientific Research*. – 2023. – Vol. 11. – P. 1-8.

253. van Niekerk, J. K. ADSA Foundation Scholar Award: New frontiers in calf and heifer nutrition-From conception to puberty / J. K. van Niekerk, A. J. Fischer-Tlustos, J. N. Wilms [et al.] // *Journal of Dairy Science*. – 2021. – Vol. 104, Issue 8. – P. 8341-8362. – DOI 10.3168/jds.2020-20004.

254. Wang, A. Regulation of the expression of $\alpha 1$ and $\alpha 2$ casein genes in bovine mammary epithelial cells by STAT5A / A. Wang, B. Pokhrel, G. Perez Hernandez, H. Jiang // *Journal of Dairy Science*. – 2024. – Vol. 107. – P. 11139-11148. – DOI 10.3168/jds.2024-24905.

255. Wu, X. Genome wide association studies for body conformation traits in the Chinese Holstein cattle population / X. Wu, M. Fang, L. Liu [et al.] // *BMC Genomics*. – 2013. – Vol. 14. – P. 897. – DOI 10.1186/1471-2164-14-897.

256. Yadav, D. K. Estimation of maternal and additive effect on reproduction and productive traits in Hardhenu cattle / D. K. Yadav, Z. S. Malik, A. Magotra [et al.] // *Reproduction in Domestic Animals*. – 2024. – Vol. 59. – Art. 14658. – DOI: 10.1111/rda.14658.

257. Yang, G. Z. Effect of Microsatellite Marker on Bull Meat Traits / G. Z. Yang, C. J. Yang, J. Ge, R. C. Hao, Y. K. Li, Y. P. Zhang, L. S. Zan // *Journal of Animal and Veterinary Advances*. – 2012. – Vol. 11, Issue 3. – P. 318–322.

258. Zabolewicz, T. The association between microsatellite Bm6438 and milk traits in Polish Holstein-Friesian cattle / T. Zabolewicz, U. Czarnik, J. Strychalski, C. S. Pareek, M. Pierzchała // *Czech Journal of Animal Science*. – 2011. – Vol. 56, Issue 3. – P. 107–113.

259. Zakizadeh, S. Analysis of Bovine Growth Hormone Gene Polymorphisms in Three Iranian Native Breeds and Holstein Cattle by RFLP-PCR / S. Zakizadeh, G. Rahimi, S. R. Mirae-Ashtiani [et al.] // *Biotechnology*. – 2006. – Vol. 5. – P. 385-390. – DOI 10.3923/biotech.2006.385.390.

260. Zepeda-Batista, J. L. Polymorphism of three milk protein genes in Mexican Jersey cattle / J. L. Zepeda-Batista, B. Alarcón-Zúñiga, A. Ruíz-Flores, R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde // *Electronic Journal of Biotechnology*. – 2015. – Vol. 18. – P. 1-4. – DOI 10.1016/j.ejbt.2014.10.002.