

УДК 636.082.575

Использование методов генетической оценки и геномной селекции в разведении крупного рогатого скота

Харжау А.¹, Сермягин А.А.²¹ НАО «ЗКАТУ имени Жангир хана»,
Уральск, Казахстан² ВНИИГРЖ — филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,
Санкт-Петербург, Россия

Аннотация. Изучение и сохранение биоразнообразия сельскохозяйственных генетических ресурсов является актуальной задачей современной биологической науки. Сельскохозяйственные генетические ресурсы представляют собой национальный и мировой биологический капитал, крайне необходимый для развития систем производства в будущем. В этой связи на сегодняшний день геномный анализ и молекулярно-генетические методы стали неотъемлемой частью современной селекции животных. Они позволяют более точно оценивать генетический потенциал животных и выбирать наиболее перспективных особей для разведения. Этот подход значительно ускоряет процесс селекции и повышает эффективность племенной работы. В России и Казахстане, как и во многих других странах, постепенно начинают активно внедрять геномный анализ в практику животноводства. Данный метод позволяет выявлять генетические особенности животных, которые не всегда можно учесть при традиционной оценке по дочерям, также помогает предотвращать наследственные заболевания и улучшать племенные качества. В России и Казахстане также важно развивать и применять геномную селекцию в животноводстве. Поскольку данная процедура поможет улучшить генетический потенциал поголовья, повысить продуктивность, адаптировать животных к местным условиям, улучшить здоровье и долголетие животных, а также повысить эффективность сельскохозяйственного производства в целом. Таким образом, исследования и разработки в области геномной селекции в России и Казахстане имеют огромное значение для улучшения сельскохозяйственной продукции, повышения конкурентоспособности отрасли и обеспечения продовольственной безопасности.

Ключевые слова: генетическая оценка, геномная селекция, крупный рогатый скот, Россия, Казахстан.

Для цитирования: Харжау А., Сермягин А.А. Использование методов генетической оценки и геномной селекции в разведении крупного рогатого скота // Успехи наук о животных. 2025. № 2. С. 34—50. doi: 10.25687/3034-493X.2025.3.2.003

Genetic evaluation and genomic selection in cattle breeding

A. Kharzhau¹, A.A. Sermyagin²¹ NJSC WKATU named after Zhangir Khan
Uralsk, Republic of Kazakhstan² All-Russian Research Institute of Genetics and Farm Animal Breeding,
Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry
Saint Petersburg, Russia

Abstract. The study and conservation of agricultural genetic biodiversity represent a pressing challenge in modern biological science. Agricultural genetic resources constitute both a national and global biological asset, essential for the future development of production systems. In this regard, genomic analysis and molecular genetic methods have become integral to contemporary animal breeding. These techniques enable more precise evaluation of animals' genetic potential and the selection of the most promising individuals for reproduction. This approach significantly accelerates the breeding process and enhances the efficiency of selective breeding programs.

In Russia and Kazakhstan, as in many other countries, genomic analysis is being progressively implemented in livestock farming practices. This method allows for the identification of genetic traits in animals that may not be adequately assessed through traditional progeny testing. Additionally, it helps prevent hereditary diseases and improve breeding quality.

The development and application of genomic selection in livestock breeding are of particular importance for Russia and Kazakhstan. This technology can enhance the genetic potential of herds, increase productivity, improve animal adaptation to local conditions, promote health and longevity, and ultimately boost the overall efficiency of agricultural production.

Thus, research and advancements in genomic selection in Russia and Kazakhstan hold significant promise for improving agricultural output, enhancing industry competitiveness, and ensuring food security.

Keywords: genetic assessment, genomic breeding, cattle, Russia, Kazakhstan.

For citation: Kharzhau A, Sermyagin AA. Genetic evaluation and genomic selection in cattle breeding. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 2: 34—50. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.3.2.003

Интенсификация в молочном скотоводстве – это важная задача как с научной, так и практической точек зрения. В основе этого процесса лежит стремление к повышению производительности и качества молока путем улучшения генетического потенциала животных. Для достижения этой цели используются различные методы и технологии, включая селекцию, генетическую отбор, использование новых кормов и технологий содержания.

Мониторинг существующих систем управления селекционными процессами на производстве играет ключевую роль в определении эффективности и результативности внедренных методов. Это позволяет оценить, насколько успешно используются современные подходы к улучшению генетического потенциала животных, а также выявить возможные улучшения и корректировки в работе селекционеров и специалистов по разведению скота.

Интенсификация молочного скотоводства не только способствует повышению продуктивности животных, но и содействует экономической эффективности предприятий, улучшению качества продукции и снижению негативного воздействия на окружающую среду. Однако важно помнить, что этот процесс должен осуществляться с учетом благополучия животных и принципов устойчивого развития сельскохозяйственных систем.

Повышение экономической эффективности животноводства – это одна из главных задач современной сельскохозяйственной науки и практики. Интенсивное использование животных с выдающимися показателями, которые повторяются в последующих поколениях, требует селекционного процесса и генетического совершенствования пород.

Селекционная работа направлена на ускорение генетического прогресса в популяциях животных. Основная идея заключается в том, чтобы выделить животных с наилучшими селекционными признаками (примером может служить высокая продуктивность, адаптация к условиям содержания, устойчивость к болезням и т.д.) и использовать их в разведении следующего поколения. Это позволяет постепенно улучшать желаемые характеристики в популяции [1].

В этой связи изучение и сохранение биоразнообразия сельскохозяйственных генетических ресурсов становится все более актуальной задачей современной биологической науки. Сельскохозяйственные генетические ресурсы представляют собой национальный и мировой биологический капитал, крайне необходимый для развития систем производства в будущем [2]. Для достижения этой цели важно создать комплексную систему, которая охватывает несколько аспектов.

Оптимизация методов селекции включает в себя разработку эффективных методов отбора и оценки селекционных признаков, куда входят методы генетического анализа, молекулярной генетики, статистики и других наук, позволяющих точно оценивать генетические характеристики животных.

Создание паратипических условий, в том числе создание условий содержания животных, максимально способствует раскрытию их генетического потенциала. Например, это может быть правильное кормление, оптимальные условия для развития (температура, влажность и т.д.), соблюдение правил гигиены и профилактики болезней;

Многофункциональный подход подразумевает учёт комплекса селекционных признаков, что помогает создавать животных, не только выдающихся по одному признаку, но и обладающих устойчивостью к стрессу, долговечностью, хорошей конституцией и другими полезными характеристиками.

Селекционная работа требует системного подхода, сотрудничества между специалистами различных областей (биология, генетика, зоотехния и т.д.) и постоянного

контроля за результатами для достижения максимально эффективного ускорения генетического прогресса в популяциях животных.

На сегодняшний день много достижений и открытий в области биологии и генетики, что сыграло значительную роль в совершенствовании методов, применяемых в селекции сельскохозяйственных животных.

Современные селекционные программы в молочном скотоводстве включают в себя комплексные системы, охватывающие различные аспекты оценки и улучшения генетического потенциала животных: оценка по качеству потомства – помогает определить генетические характеристики животных по их потомству, что важно для оценки производственных и здоровьесберегающих характеристик, таких как удои, жирность молока, выносливость и т.д.; оценка по родословной помогает определить генетический потенциал животного на основе данных о его предках, что важно для предсказания наследуемых характеристик и выявления потенциальных генетических заболеваний; оценка по собственной продуктивности включает в себя измерение удоя молока, жирности, белковости, доли жирных кислот и других важных показателей продуктивности; маркерные методы селекции позволяют селекционерам более точно отбирать особей с желаемыми генетическими характеристиками; BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) оценка – позволяет более точно определить генетический вклад каждого животного в популяцию статистическим методом оценки генетической силы животных на основе их родословных и продуктивных данных.

Внедрение информационно-вычислительных систем в практику племенной работы становится необходимым условием для увеличения темпов генетического улучшения молочного скота. Эти системы помогают автоматизировать сбор, хранение и анализ данных о животных, что снижает трудозатраты на обработку информации, увеличивает оперативность принятия решений и повышает эффективность селекционно-племенной работы.

Эффективное использование информационно-вычислительных систем позволяет селекционерам и племенным специалистам лучше понимать генетические особенности стада, прогнозировать результаты скрещиваний, оптимизировать процессы отбора и разведения, а также улучшать производственные показатели стада в целом.

История развития методов селекции скота прошла долгий путь от классических подходов к современной геномной селекции. Изначально исследования в селекции молочного скота велись на основе фенотипических данных, что позволяло определить наследуемость и изменчивость характеристик [3,4]. Затем ученые начали использовать более подробный анализ, включающий генетические корреляции, взаимосвязи между генотипом и окружающей средой, а также различные виды наследуемости (аддитивная, неаддитивная и прочие) [5]. В последующем была внедрена маркерная селекция, которая позволяет использовать различные генетические маркеры для оценки генетического потенциала животных. Это включает анализ отдельных генов, цитогенетику и другие методы [6,7]. Для более точной оценки и прогнозирования генетических характеристик животных начали использовать методы многофакторного анализа, которые включают в себя использование специальных компьютерных программ [8]. В ходе исследований были выявлены гены, которые связаны с конкретными продуктивными признаками животных, что позволило улучшить селекцию на основе более точного знания генетической основы этих характеристик [9–11]. В настоящее время внедрены современные методы геномной селекции, которые основаны на анализе всего генома животных. Это позволяет более точно выбирать наиболее перспективных особей для разведения, учитывая все генетические особенности [12–15]. Это разнообразие методов позволяет селекционерам более

эффективно работать с генетическим потенциалом животных, улучшая их продуктивные характеристики и адаптированность к окружающей среде.

В этой связи изучение генетического полиморфизма стало одним из наиболее важных и плодотворных направлений как фундаментальной генетики, так и прикладных исследований в сельском хозяйстве. Методы ДНК-тестирования играют значительную роль в выявлении молекулярных маркеров, которые занимают важное положение в различных областях генетических исследований. Генетическое маркирование позволяет оценить генофонд конкретных стад животных. Это помогает исключить принятие ошибочных решений при выборе животных для разведения, так как можно более точно определить их генетический потенциал. Маркеры могут помочь быстрее и эффективнее накапливать аллели, несущие комплекс желательных признаков. Это особенно важно для признаков, которые фенотипически проявляются позднее или связаны с полом животного, например, молочная продуктивность [16,17,18]. Маркер-зависимая селекция позволяет селекционерам выбирать животных на основе их генетических маркеров, связанных с желаемыми признаками. Это особенно важно для признаков, на которые могут влиять внешние факторы, такие как условия содержания или кормления [19,20,21].

Таким образом, использование генетических маркеров и методов маркер-зависимой селекции помогает улучшить эффективность животноводства, позволяя быстрее и точнее селекционировать животных с желаемыми генетическими характеристиками. Это современные технологии, которые помогают оптимизировать процессы разведения и повышать продуктивность стада.

Известно, что маркерная селекция является начальным этапом геномной селекции. Поскольку большая часть хозяйственно-ценных селекционных признаков имеет полигенный характер, то есть контролируется множеством генов, изменчивость этих признаков под воздействием факторов внешней среды может достигать 50%. Однако, есть гены или аллели этих генов, которые играют более важную роль в проявлении признаков продуктивности при различных условиях среды, которые являются основными генами количественных признаков (Quantitative Trait Loci, QTL) [22].

Молекулярно-генетические методы позволяют определить различия между животными по аллельным вариантам в локусах ДНК, которые либо непосредственно влияют на проявление признака, либо связаны с QTL. Это делает возможным картирование этих локусов и проведение отбора животных непосредственно по генотипам, то есть по генетическим маркерам, что подразумевает маркерную селекцию (Marker-Assisted Selection, MAS) [23].

Использование молекулярных маркеров, связанных с целевыми признаками, для маркерно-вспомогательного отбора (MAS) стало важным инструментом в селекции скота. Этот метод позволяет отбирать животных с высоким генетическим потенциалом для желаемых характеристик. Однако, когда речь идет о сложных признаках, таких как продуктивность, которые контролируются множеством генов или локусов количественных признаков (QTL), каждый из которых вносит небольшой вклад, MAS может оказаться неэффективным [24,25].

В этой связи геномная селекция (GS) была предложена как альтернативный подход к обработке сложных признаков и учету незначительных генетических эффектов. Идея GS заключается в использовании высокой плотности маркеров по всему геному для оценки генетической ценности особей. Это позволяет оценить не только основные, но и второстепенные эффекты генов, которые могут быть связаны с целевыми признаками. GS представляет собой эволюцию традиционной передовой генетики, так как объединяет стратегию целостного генома с картированием и функциональной валидацией генов-кандидатов [26,27,28].

В геномной селекции (GS) используются общегеномные маркеры для оценки их воздействия с помощью оптимальных статистических моделей. Затем рассчитываются оценочные значения селекции, или GEBV (Genomic Estimated Breeding Values), для каждой особи, чтобы отобрать потенциальных элитных производителей. В GS необходимы две основные популяции:

1. Обучающая популяция, также называемая эталонной популяцией, которая состоит из когорты особей с генотипическими и фенотипическими данными. Данные из этой популяции используются для обучения статистической модели для оценки влияния каждого анализируемого маркера.

2. Селекционная (или тестовая) популяция, которая состоит из селекционных кандидатов только с генотипными данными. Эти особи не имеют фенотипических данных, но используются для оценки GEBV на основе модели, разработанной на основе обучающей популяции.

Таким образом после того, как модель апробирована на обучающей популяции, она используется для расчета оценочных значений селекции для каждой генотипированной особи в тестовой популяции. Это позволяет ранжировать животных без необходимости фенотипирования каждой особи в тестовой популяции. Эти особи могут быть потенциальными кандидатами для дальнейшего разведения или выбора.

Зарезервированные особи из эталонной популяции также могут быть использованы в качестве родительских пар для скрещивания. Это помогает создать пирамиду благоприятных аллелей для следующего цикла селекции. Использование GEBV позволяет селекционерам принимать более информированные решения о том, какие особи использовать в качестве родителей для следующего поколения, чтобы улучшить желаемые характеристики. Хотя отбор в селекции может быть направлен на основе GEBV, селекционеры все равно могут продавать животных, опираясь на их коммерческую ценность. Это означает, что факторы, включающие качество продукции, устойчивость к болезням, легкость выращивания и другие, могут также влиять на решение о том, каких животных представлять на рынке, несмотря на их GEBV [29,30].

Размер референтной популяции является важным аспектом использования генетической информации в селекции скота. Он влияет на точность оценки геномной племенной ценности (GEBV) и на способность выявлять ассоциации между молекулярными маркерами и желаемыми фенотипическими характеристиками. Для изучения полногеномных ассоциаций (GWAS) в поиске функциональных генов необходим определенный размер референтной популяции. Этот размер зависит от уровня влияния каждого молекулярного маркера на изменчивость показателя, который измеряется в доле изменчивости, раскрываемой SNP. При оценке влияния каждого SNP в уравнении прогноза GEBV, все мутации рассматриваются одновременно. Эффекты каждого SNP суммируются, и важно, чтобы сумма всех эффектов была невелика, если множество SNP оказывает влияние.

Таким образом, размер выборки является лимитирующим фактором. Необходимая численность референтной популяции обратно пропорциональна наследуемости признака и прямо пропорциональна эффективной численности популяции. Большой размер референтной популяции обычно увеличивает точность прогноза геномной племенной ценности, что является ключевым фактором в селекции молочного скота.

Основное преимущество геномной селекции заключается в том, что она позволяет установить наследование в генах определенных ценных аллелей практически сразу после рождения. Это значительно повышает эффективность селекционного отбора, так как прогнозировать племенную ценность животного можно уже в самом раннем возрасте. Таким образом, селекционное значение животного оценивается не фенотипически, а

генотипически, что позволяет значительно повысить эффективность селекционного процесса. Это особенно важно для улучшения продуктивности, здоровья и других желательных признаков у стада молочного скота.

На сегодняшний день геномный анализ и молекулярно-генетические методы стали неотъемлемой частью современной селекции животных. Они позволяют более точно оценивать генетический потенциал животных и выбирать наиболее перспективных особей для разведения. Этот подход значительно ускоряет процесс селекции и повышает эффективность племенной работы.

Геномный анализ становится важным инструментом в современном животноводстве, в том числе в России и Казахстане. Этот метод позволяет выявлять генетические особенности животных, которые не всегда можно учесть при традиционной оценке по дочерям. Он также помогает предотвращать наследственные заболевания и улучшать племенные качества.

Достижения в области биологии и генетики, такие как секвенирование генома, выявление маркеров, анализ генетических данных, играют ключевую роль в эволюции селекции животных. Они позволяют не только более точно определять генетическую основу различных признаков, но и создавать более устойчивые и продуктивные поголовья животных.

На сегодняшний день процесс селекции достиг нового уровня благодаря возможности получения объективной информации о генотипе и геноме животных. В настоящее время геномный анализ проводится не только в США, но и в других странах мира, таких как Ирландия [31], Южная Африка [32], Германия [33], Новая Зеландия [34] и некоторых других. С применением геномной селекции решаются важные вопросы скрещивания, генетической структуры смешанных популяций, а также оцениваются перспективы использования геномной оценки при выборе племенных быков в сравнении с традиционными методами оценки их ценности и другими аспектами.

Геномная селекция действительно привела к принципиально новому уровню в селекции животных. Этот подход позволяет получить более объективную информацию о генотипе и геноме животных, что в свою очередь помогает улучшить эффективность племенной работы и повысить продуктивность стада.

Геномная селекция позволяет учитывать генетическое разнообразие и предотвращать инбридинг, что помогает сократить риск наследственных заболеваний и улучшить общее здоровье стада. Для многих стран, где применяются различные линии и породы скота, геномная селекция помогает оптимизировать скрещивание для достижения желаемых характеристик. С использованием геномной селекции можно более точно определить потенциал производителей и выбирать наиболее перспективных особей для разведения, учитывая не только их фенотипические характеристики, но и генетическую основу этих признаков. Многие исследования показывают преимущества геномной селекции перед классическими методами, такими как оценка по дочерям, в том числе более высокую точность прогнозирования генетического потенциала животных. Геномный отбор в селекции молочного скота имеет потенциал повышения генетического прогресса за счет более высокой точности и раннего выявления желаемых генетических характеристик у животных. Это может привести к сокращению интервала между поколениями и, как следствие, увеличению генетического прироста. В целом, геномная селекция стала мощным инструментом для улучшения продуктивности и здоровья стада молочного скота в различных странах мира [35—38].

Исследования ряда ученых показывают, что геномный отбор может значительно уменьшить интервал между поколениями у молочного скота. Это, в свою очередь, способствует увеличению генетического прогресса и снижению затрат на селекционные

программы. Основным фактором, способствующим увеличению генетического прогресса в этом случае, является именно укороченный интервал между поколениями. Благодаря более раннему и точному отбору животных с желаемыми генетическими характеристиками, разведение линий с улучшенными показателями производительности и здоровья может происходить быстрее и эффективнее [39,40].

Биологические факторы играют ключевую роль в селекции сельскохозяйственных животных. Они основаны на параметрах изменчивости, наследственности и взаимосвязи признаков, которые являются основой для генетической оценки и отбора животных, а также повышения качества генотипов и определения племенной ценности.

Важным элементом селекции является генетическая оценка и отбор животных, особенно быков-производителей, поскольку они оказывают значительное влияние на продуктивность и качество потомства. Использование различных параметров и информации о хозяйственно полезных признаках животных и их предков позволяет сделать более точные прогнозы в оценке генотипа [41].

В современной практике оценки быков-производителей в отечественной системе выявлено несколько проблем, включая неоднозначность получаемых результатов тестирования в разных стадах. Это может быть вызвано различиями в условиях содержания и кормления животных, а также другими факторами. Низкая повторяемость результатов оценки требует фактически переоценки всех быков в конкретных условиях хозяйства, что создает определенные сложности и затраты.

Для решения этих проблем важно улучшить методы оценки, учитывая различия в условиях содержания животных. Кроме того, разработка более точных и надежных методов оценки с использованием современных геномных технологий, может помочь улучшить качество селекционной работы и повысить продуктивность стада молочного скота. Внедрение новых стратегий и методов может помочь более точно определять генетическую ценность быков и эффективнее использовать их в разведении.

Многие первоначальные исследования по геномному отбору были сосредоточены на методах геномного прогнозирования [42], оценивающие влияние параметров популяции на надежность геномных прогнозов [43,44], либо сравнивали традиционные и геномные методы отбора [45]. Позже, когда стали доступны геномные данные, геномные прогнозы были подтверждены путем сравнения геномных прогнозов с EBV, основанными на показателях потомства [46,47]. С учетом результатов данных валидационных исследований преимущества геномного отбора стали очевидными, что привело к быстрому внедрению геномного отбора в схемы молочного скотоводства в последние годы.

Новые методы анализа ДНК и геномные технологии действительно представляют собой новую эру для геномики скота. Ученые смогли создать генетические карты, используя полиморфные маркеры, такие как микросателлиты, которые помогли расшифровать области генома, включающие гены, влияющие на экономически важные характеристики животных [48].

Геномные технологии также позволяют улучшать экономически важные характеристики скота быстрее и эффективнее. Это может быть увеличение молочной продуктивности, улучшение качества мяса, устойчивость к болезням и другие параметры;

В странах, где животноводство играет важную роль в экономике и обеспечении продовольственной безопасности, геномика имеет особое значение. улучшение генетических характеристик скота может привести к повышению производительности и доходности для местных фермеров.

С появлением современных методов секвенирования ДНК ученым стало доступно более глубокое изучение генома скота, что позволяет идентифицировать и анализировать гены, ответственные за желаемые признаки.

Таким образом, геномика скота представляет собой мощный инструмент для современного животноводства, особенно в развивающихся странах, где улучшение генетических характеристик стада может иметь высокое социально-экономическое значение.

Существуют различные подходы к генетическому анализу сложных и количественных признаков у животных, включая молочного скота. Два основных подхода – это полногеномное сканирование и поиск генов-кандидатов, связанных с локусами количественных признаков (QTL). У каждого из них есть свои преимущества и недостатки. Преимущества полногеномного секвенирования заключаются в сканировании всего геномного пространства животного для поиска ассоциаций с количественными признаками. При этом нет предварительных предпосылок относительно важности конкретных функциональных особенностей исследуемых признаков. Главным недостатком полногеномного сканирования является его дороговизна и высокая ресурсоемкость. Также может потребоваться большая выборка для достижения статистической значимости. Этот метод может быть ограниченным для некоторых лабораторий или проектов из-за высоких затрат [49].

Преимущества поиска генов-кандидатов, связанных с QTL, заключается в экономичности и эффективности, поскольку он основан на предположениях о связи конкретных генов с количественными признаками. Ограничение этого подхода заключается в том, что он требует предварительных знаний о биологии исследуемого фенотипа. Также может быть сложно оценить влияние множества генов на сложные признаки [50].

Выбор между этими методами зависит от конкретных целей и возможностей исследования. Если есть доступные средства и ресурсы, полногеномное сканирование может быть предпочтительным методом для обширного и всеобъемлющего анализа генома. Однако для проектов с ограниченными бюджетными возможностями или когда есть предварительные знания о генах, связанных с признаками, поиск генов-кандидатов может быть более эффективным и экономичным вариантом.

В целом, каждый из этих методов имеет свои преимущества и ограничения, и выбор между ними зависит от конкретной задачи и доступных ресурсов и средств исследования.

Достижения в области технологии ДНК-чипов и открытие множества однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в проектах секвенирования генома действительно открыли новые возможности для селекции животных. Однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) – это точечные изменения в геноме, которые могут быть использованы в качестве маркеров для ассоциации с интересующими нас признаками (к примеру, QTL). Использование технологии ДНК-чипов и SNP позволяет более точно и эффективно проводить генетический анализ, идентифицировать маркеры в LD с QTL и использовать их для отбора животных с желаемыми генетическими характеристиками. Это современный и мощный инструмент для улучшения генетического потенциала стада молочного скота [51].

Результаты полногеномных исследований ассоциаций у крупного рогатого скота привели к выводу, что влияние отдельных локусов количественных признаков (QTL) на сложные признаки, такие как продуктивность, вероятно, будет небольшим; поэтому для объяснения генетической изменчивости этих признаков необходимо большое количество QTL. Учитывая эту генетическую архитектуру, выгоды от программ отбора с помощью маркеров (MAS), использующих только небольшое количество ДНК-маркеров для отслеживания ограниченного числа QTL, вероятно, будут небольшими. Это привело к разработке альтернативной технологии использования доступной информации о плотном однонуклеотидном полиморфизме (SNP), называемой геномным отбором. Геномный отбор использует полногеномную панель плотных маркеров, так что все QTL находятся в

неравновесном сцеплении по крайней мере с одним SNP. Прогнозируется, что значения геномной селекции будут суммой влияния этих SNP на весь геном [52,53].

Выполнение полногеномного секвенирования (WGS) крупного рогатого скота является оптимальным способом использования современной технологии геномного анализа для оценки генетической изменчивости породы крупного рогатого скота. Однако этот вариант по-прежнему недоступен с финансовой точки зрения для большинства селекционеров и исследователей. В результате рутинное генотипирование крупного рогатого скота выполняется с использованием менее дорогостоящего метода идентификации однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Идентификация SNP предназначена для обнаружения вариантов генов, связанных с хозяйственно-полезными признаками, обнаружением наследственных заболеваний и другими отрицательными характеристиками, а также для поиска породоспецифичных участков в геноме.

В 2012 году Ben Hayes основал проект «1000 Bull Genomes» [54], чтобы помочь в глобальном понимании генетики крупного рогатого скота и способствовать международному сотрудничеству в данной сфере [55]. В ходе первоначального запуска проекта были получены данные секвенирования 238 быков-производителей австралийской линии со средним охватом генома 10,5х с использованием системы HiSeq 3000. В настоящее время проект включает 40 международных партнеров и 2700 голов животных. Проект позволил выявить около 90 миллионов генетических полиморфизмов в геноме крупного рогатого скота. Исследователи и селекционеры по всему миру извлекают выгоду из открытий, сделанных с использованием этих данных, включая идентификацию летальных мутаций [56] и крупнейшее масштабное исследование геномных ассоциаций на уровне последовательностей (GWAS) [57].

В рамках разработки методов геномного прогнозирования для решения статистических и вычислительных проблем GS, было предложено несколько подходов:

- RRBLUP (Ridge Regression Best Linear Unbiased Prediction), данный метод использует оценку эффекта каждого маркера (SNP) на желаемый признак. RRBLUP помогает учитывать корреляции между маркерами и учитывать структуру популяции;
- GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction) основан на линейной регрессии и оценивает генетическую значимость маркеров для прогнозирования племенной ценности.
- Байесовские методы: Bayes A – один из методов, где для каждого маркера имеется априорное предположение о его влиянии на признак, и затем апостериорное распределение маркеров обновляется на основе данных; Bayes B аналогичен методу Bayes A, но с предположением, что большинство маркеров не имеют влияния на признак; Bayes C оценивает модель с различным количеством включенных маркеров и выбирает наилучшую модель на основе критерия Cp (метод минимальных квадратов с использованием критерия Смолла); Bayes LASSO (Least Absolute Shrinkage and Selection Operator) использует штраф для небольших коэффициентов модели, что помогает выбрать наиболее важные маркеры, и т.д.

Каждый из этих методов имеет свои преимущества и недостатки, и выбор конкретного метода зависит от характеристик данных, целей селекции и требований к точности прогнозирования. Однако все они направлены на то, чтобы помочь в прогнозировании геномной племенной ценности животных на основе их генетической информации, что, в свою очередь, позволяет более эффективно и точно проводить селекцию в молочном скотоводстве [58,59].

Селекционеры всегда стараются точно оценить племенную ценность. Новые методы селекционного отбора, в том числе селекционный индекс, лучший линейный несмещенный прогноз (BLUP) [60], маркерная селекция (MAS), обширное исследование геномных

ассоциаций (GWAS) и геномная селекция (GS) [61] широко используются как в животноводстве, так и в растениеводстве.

Большинство селекционных признаков, влияние которых оценивается в скотоводстве, обусловлены множеством генов (полигены), каждый из которых оказывает небольшое воздействие на признак. Это означает, что при традиционных методах селекции, таких как массовая селекция (MAS), малозначимые гены с небольшими эффектами могут остаться незамеченными. GS был предложен для решения этой проблемы, основанный на использовании молекулярных маркеров высокой плотности, распределенных по всему геному. Маркеры используются для оценки их эффектов на селекционные признаки и последующего прогнозирования геномной племенной ценности животных [62—64].

В процессе GS генерируется прямая геномная ценность (DGV), которая включает генотипирование большого числа животных с фенотипической информацией. Это помогает оценить эффекты маркеров и использовать их для прогнозирования DGV у генотипированных животных без фенотипов.

Современные тенденции в GS включают использование полногеномного секвенирования для оценки влияния всех локусов в геноме вместо оценки только отдельных маркеров. Это позволяет более полно использовать генетическую информацию для предсказания геномной племенной ценности. Сущность GS заключается в том, что она учитывает сумму эффектов всех необходимых признаков, что позволяет более полно и точно предсказывать генетическую ценность животных [65,66].

Таким образом, GS позволяет учесть все молекулярные маркеры по всему геному, вычисляя их совокупное влияние на селекционные признаки. Это делает GS мощным инструментом для селекции в скотоводстве, увеличивая эффективность и точность предсказаний генетической ценности у животных.

Продуктивность скота в значительной степени зависит от генетического потенциала животных. Важно отметить, что хотя факторы окружающей среды могут оказывать влияние на продуктивность до 75% [67], генетический потенциал также играет ключевую роль. Генетический потенциал животного определяется его генотипом, который включает в себя набор генов, ответственных за желаемые селекционные признаки, такие как продуктивность, качество молока, выносливость к болезням и т.д. Этот генетический потенциал определяет возможности животного в проявлении желаемых характеристик, и его реализация зависит от условий содержания, кормления и ухода.

Неполная реализация генотипа означает, что животные с высоким наследственным потенциалом могут не полностью проявить свои генетические возможности из-за воздействия факторов окружающей среды. Это может быть связано с недостаточным кормлением, стрессовыми условиями, недостаточным уходом и другими внешними факторами, которые могут ограничивать экспрессию генов. Фенотипическая изменчивость признаков определяется как разброс проявления этих признаков среди популяции животных. Когда животные имеют высокий генетический потенциал, но они не могут его полностью реализовать из-за факторов окружающей среды, фенотипическая изменчивость снижается. Это означает, что различия между животными в их продуктивности и других характеристиках могут быть менее выраженными, поскольку их генетические возможности ограничены воздействием среды [68].

Таким образом, в совокупности сказывается взаимодействие генетического потенциала и факторов среды на продуктивность скота. Полная реализация генетического потенциала может быть достигнута при оптимальных условиях содержания, кормления и управления здоровьем животных, что в конечном итоге приводит к максимальной продуктивности стада.

Исследования моделирования показывают, что программы геномной селекции (GS) имеют большой потенциал для улучшения точности отбора и, как следствие, генетического прироста в скотоводстве. В сравнении с традиционными методами отбора, внедрение GS также может снизить скорость инбридинга и уменьшить необходимость в структурированной оценке потомства. GS позволяет более точно оценивать геномную племенную ценность животных на основе их генетической информации, что даст возможность выбирать лучших производителей для разведения с учетом не только фенотипических, но и генетических данных.

Благодаря более точному отбору GS способствует увеличению генетического прироста в популяции скота. Выбор более продуктивных и здоровых животных на основе их генетической информации приводит к повышению производительности стада в целом. GS позволяет более эффективно учитывать генетическое разнообразие в популяции. Это помогает предотвратить слишком сильное скрещивание близкородственных особей, что может привести к инбридингу и ухудшению генетического здоровья стада.

Внедрение GS также может устранить или уменьшить необходимость в структурированной оценке потомства для быков. Это значит, что средства, которые ранее были затрачены на дорогостоящие тестирования и оценку потомства, могут быть использованы более эффективно, например, на улучшение условий содержания, кормления или другие направления развития стада. Так, внедрение программы геномной селекции может принести значительные выгоды для промышленного скотоводства. Оно не только повышает эффективность отбора и генетический прирост, но и способствует более рациональному использованию ресурсов за счет сокращения затрат на оценку потомства и снижения скорости инбридинга [69].

Исследования Н.С. Юдина и авторов [70] показывают, что геномная селекция представляет собой метод отбора, при котором племенная ценность животных определяется на основе генетических маркеров. Для этого особи проходят генотипирование на основе десятков тысяч однонуклеотидных полиморфных маркеров (SNP), охватывающих все хромосомы. Геномная оценка племенной ценности (Genomic Estimated Breeding Value, GEBV) вычисляется как сумма эффектов всех SNP-маркеров. В настоящее время доля быков-производителей, которые продаются на основании геномной племенной ценности (GEBV), без традиционной оценки по качеству потомства, в разных странах мира действительно составляет от 25 до 50%. Это свидетельствует о широком распространении и успешном применении геномной селекции в скотоводстве.

Применение GEBV позволяет производителям быков более точно оценивать и выбирать животных для разведения, исходя из их генетической предрасположенности к желаемым характеристикам. Это ведет к повышению эффективности селекции и ускорению генетического прогресса в поголовье скота. Важно отметить, что страны с развитой скотопромышленностью и сильными программами селекции чаще всего внедряют и успешно используют геномную селекцию. Таким образом, доля быков-производителей, продаваемых на основе GEBV, будет продолжать расти по мере распространения и утверждения этого подхода в скотоводстве всего мира.

Исследования показывают, что геномная селекция (GS) предоставляет возможность одновременно изучать большое количество маркеров ДНК в геноме животного. Эти генетические маркеры, как правило, равномерно распределены по хромосомам. При наличии такого широкого покрытия генома маркерами, можно эффективно оценить племенную ценность животного. GS позволяет оценивать не только один, но и множество хозяйственно-полезных признаков у животных. Это включает в себя такие важные характеристики, как молочная продуктивность, качество молока, долговечность, воспроизводительные способности, экстерьерные и интерьерные показатели и другие.

Применение технологий молекулярной генетики позволяет исследовать тысячи или даже сотни тысяч маркеров по всем хромосомам. Это создает возможность более полного и всестороннего анализа генетической основы различных характеристик у животных. Путем анализа взаимосвязей между генотипом и хозяйственно-полезными признаками можно вычислить геномную оценку племенной ценности (GEBV). Это предоставляет возможность выбирать лучших производителей для разведения на основе их генетического потенциала к передаче желаемых характеристик потомству. Таким образом, геномная селекция позволяет эффективно использовать информацию о генетических маркерах для оценки и прогнозирования множества хозяйственно-полезных признаков у животных, что значительно улучшает эффективность и точность селекции, что в конечном итоге приводит к повышению продуктивности и качества стада [71].

В первой части геномной оценки животных осуществляется их генетическое типирование. Это включает определение наличия и последовательности SNP-маркеров в генотипе каждой особи. SNP-маркеры (однонуклеотидные полиморфизмы) являются местами в геноме, где у разных особей может быть различие в одном нуклеотиде (например, А вместо Т). Генотипирование проводится с использованием технологий, которые позволяют анализировать тысячи SNP-маркеров у каждого животного.

Вторая часть процесса заключается в сопоставлении результатов генотипирования животных с «эталонной» группой скота. «Эталонная» группа, как было сказано выше, состоит из животных, у которых имеется достоверная фенотипическая и генотипическая информация. Это может быть группа животных с уже известной высокой продуктивностью или другими желаемыми характеристиками. Сравнивая генотипы новых животных с этой «эталонной» группой, можно определить, какие SNP-маркеры ассоциируются с желаемыми характеристиками. После сопоставления информации по SNP-маркерам с характеристиками «эталонной» группы можно предсказать племенную ценность отбираемых животных, что позволяет оценить геномную оценку племенной ценности (GEBV) для каждого животного. GEBV вычисляется как сумма эффектов всех SNP-маркеров, связанных с желаемыми признаками. Так, можно ранее и точнее предсказать, какие животные будут наилучшими производителями, основываясь на их генетическом потенциале.

Исследования Н.А. Попова и соавторов [72] подтверждают, что генетические маркеры позволяют контролировать достоверность происхождения животного, диагностировать фримартинизм телят, создавать типы, линии и семейства внутри пород, определять уровень гомо- и гетерозиготности популяций, степень их сходства и различий и на этой основе прогнозировать эффект гетерозиса.

Геномная селекция (GS) кардинально меняет подходы к разведению животных, делая отбор более точным и эффективным. Резюмируя вышесказанное, можно заключить:

1) GS позволяет использовать информацию о SNP-маркерах, которые находятся в неравновесном сцеплении с кодирующими областями для экономически важных признаков. Это позволяет получить геномные оценки племенной ценности (GEBV), которые являются более точными и надежными, чем традиционные оценки наследственности;

2) GS помогает решить три ключевых проблемы в животноводстве: точность селекции признаков с низкой наследуемостью, контроль уровня инбридинга, ускорение интервала между поколениями;

3) сокращение интервала между поколениями является ключевым фактором для увеличения генетического прогресса в животноводстве. Благодаря GS можно значительно ускорить генетический прогресс, так как более точные и ранние оценки позволяют быстрее и эффективнее выбирать лучших производителей.

Таким образом, GS действительно становится мощным инструментом для улучшения продуктивности, здоровья и других экономически важных характеристик скота. Она позволяет использовать современные технологии для более эффективного управления генетическим потенциалом стада и достижения более быстрого и точного генетического прогресса [73—75].

В настоящее время геномный отбор широко применяется в молочном скотоводстве, где проводится оценка геномной селекционной ценности (GEBV) крупного рогатого скота по всему миру. Однако данная оценка осуществляется в развитых странах, где большинство оцениваемых животных являются чистопородными и имеет обширные данные по фенотипу, генотипу и происхождению. В развивающихся странах большая часть молочного производства осуществляется на мелких фермах. Эти фермы обычно не обладают достаточными данными о фенотипе или происхождении животных, что затрудняет эффективную оценку генетического потенциала быков и мешает проведению успешной селекции в направлении улучшения генетики животных, что является важной проблемой, которую стоит учитывать при рассмотрении геномного отбора в молочном скотоводстве. В развивающихся странах, где маленькие хозяйства составляют значительную часть молочного производства, доступ к данным по фенотипу, генотипу и родословной может быть ограниченным. Это создает препятствия для эффективного внедрения геномной селекции и использования оценок геномной селекционной ценности (GEBV) для быков. Например, ограниченные данные по фенотипу и родословной: маленькие хозяйства могут иметь ограниченные средства для сбора и хранения данных по фенотипу и родословной; недостаточные данные делают сложным проведение точных оценок GEBV, так как требуется большой объем данных для построения достоверных моделей; низкая чистота породности: в некоторых случаях животные могут быть кроссбредными или не чистопородными, что делает сложным применение моделей, разработанных для чистопородных животных.

Для эффективного применения GS важно иметь достоверную информацию о генотипе каждого животного, что может быть сложно с не чистопородными животными. В этой связи малые хозяйства могут столкнуться с ограниченными финансовыми возможностями для генотипирования большого количества животных или для приобретения чистопородных животных с хорошей родословной.

Данные проблемы можно решить при содействии всех отраслей животноводческой сферы: поддержка и развитие инфраструктуры для сбора, хранения и обработки данных по фенотипу и родословной важны для эффективного использования GS; обучение и поддержка для местных хозяйств по правильному сбору данных может быть ключевым, исследования и разработка моделей, применяемых к кроссбредным животным, могут способствовать расширению применения GS; сотрудничество между хозяйствами и организациями может помочь в совместном использовании данных и ресурсов; обмен опытом и знаниями с развитыми странами может также быть полезным для внедрения GS.

Правительственные или международные программы финансирования могут помочь малым хозяйствам получить доступ к необходимым ресурсам и технологиям. Программы поощрения использования GS и других современных методов селекции могут стимулировать интерес и внедрение этих технологий. Эти решения могут помочь преодолеть проблемы, с которыми сталкиваются развивающиеся страны в использовании геномной селекции в молочном скотоводстве. Важно продолжать исследования и развитие методов, которые могут быть легко адаптированы к различным условиям и породам скота.

Геномная селекция не призвана исключить или заменить оценку дочерей и зоотехнический учет. Напротив, эти методы остаются важными и дополняют геномную селекцию. Вместе они обеспечивают более полное и точное представление о генетическом

потенциале животных. Конечно, в перспективе в качестве активно используемых производителей все больше будут встречаться быки с геномной оценкой, без собственных дочерей, что и наблюдается в мире на сегодняшний день. Однако, поскольку геномная оценка проводится на основе племенной оценки, полученной «традиционными методами», учет данных дочерей приобретает иной смысл – пополнение и обновление базы популяции для еще более точной геномной оценки будущих поколений.

Важность геномной селекции в повышении продуктивности и здоровья стада. Генетическая селекция, включая геномную селекцию, действительно обладает кумулятивным эффектом, поскольку позволяет аккумулировать желаемые генетические характеристики и улучшения в последующих поколениях.

В последние десятилетия генетический анализ и геномная селекция привлекли большое внимание ученых за рубежом, что отражено в многочисленных статьях и исследованиях. Применение передовых методов в селекции позволяет значительно ускорить генетический прогресс, улучшить продуктивные и здоровые характеристики скота, а также сократить временной интервал между поколениями.

В России и Казахстане также важно развивать и применять геномную селекцию в животноводстве. Это поможет улучшить генетический потенциал поголовья, повысить продуктивность, адаптировать животных к местным условиям, улучшить здоровье и долголетие животных, а также повысить эффективность сельскохозяйственного производства в целом.

Таким образом, исследования и разработки в области геномной селекции в России и Казахстане имеют огромное значение для улучшения сельскохозяйственной продукции, повышения конкурентоспособности отрасли и обеспечения продовольственной безопасности.

Литература

1. Есмагамбетов К.К., Донник И.М., Лоретц О.Г., Леонов П.В. Изменчивость и наследуемость хозяйственно-биологических признаков коров черно-пестрой и голштинской пород в условиях Зауралья // Аграрный вестник Урала. – 2015. – № 11 (141). – С. 27-29.
2. Зиновьева Н.А., Сермягин А.А., Доцев А.В., Боронецкая О.И., Петрикеева Л.В., Абдельманова А.С., Brem G. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота – миниобзор // Сельскохозяйственная биология. – 2019. – Т. 54. № 4. – С. 631-641.
3. Dechow C.D., Rogers G.W., Clay J.S. Heritability and correlations among body condition scores, production traits, and reproductive performance // J. Dairy Sci. – 2001. – № 84. – P. 266-275.
4. Dechow C.D., Rogers G.W., Clay J.S. Heritability and correlations among body condition score loss, body condition score, production and reproductive performance // J. Dairy Sci. – 2002. – № 85. – P. 3062-3070.
5. González-Recio O., Ugarte C., Alenda R. Genetic analysis of an artificial insemination progeny test program // J. Dairy Sci. – 2005. – № 88. – P. 783-789.
6. Dekkers J.C.M. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. J. Anim. Sci. – 2004. – № 82 (E. Suppl.). – P. E313- E328.
7. Eggen A., Fries R. An integrated cytogenetic and meiotic map of the bovine genome // Anim. Genet. – 1995. – № 26. – P. 215-236.
8. Crawley A.M., Mallard B., Wilkie B.N. Genetic selection for high and low immune response in pigs: Effects on immunoglobulin isotype expression // Vet. Immunol. Immunopathol. 2005. – № 108. – P. 71-76.
9. de Roos A.P.W., Schrooten C., Veerkamp R.F., van Arendonk J.A.M. Effects of genomic selection on genetic improvement, inbreeding, and merit of young versus proven bulls // J. Dairy Sci. – 2011. – № 94. – P. 1559-1567.
10. Fontanesi L., Scotti E., Russo V. Analysis of SNPs in the KIT gene of cattle with different coat colour patterns and perspectives to use these markers for breed traceability and authentication of beef and dairy products // Ital. J. Anim. Sci. – 2010. – № 9. – P. e42.

11. González-Recio O., Ugarte C., Alenda R. Genetic analysis of an artificial insemination progeny test program // *J. Dairy Sci.* – 2005. – № 88. – P. 783-789.
12. Heffner E., Sorrells M., Jannink J. Genomic selection for crop improvement // *Crop Sci.* – 2009. – № 49. – P. 1-12.
13. Jannink J-L., Lorenz A.J., Iwata H. Genomic selection in plant breeding: From theory to practice // *Brief. Funct. Genomics.* – 2010. – № 9. – P. 166-177.
14. Olson K.M., VanRaden P.M. Multibreed genomic evaluation of dairy cattle // *J. Dairy Sci.* – 2010. – № 93 (E-Suppl. 1). – P. 471.
15. Toosi A., Fernando R.L., Dekkers J.C.M. Genomic selection in admixed and crossbred populations // *J. Anim. Sci.* – 2010. – № 88. – P. 32-46.
16. Боднарук В.Е., Музыка Л.И., Боднар П.В., Жмур А.И., Орихивський Т.В. Новые возможности эффективной селекции в скотоводстве на основе изучения генома // *Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені С.З. Гжицького.* – 2017. – Т. 19. № 79. – С. 32-37.
17. Веселова В.Р., Коптев В.В., Ильина А.В., Ковалева М.И. Изучение генетического полиморфизма аллельных вариантов генов CSN2 и CSN3 у крупного рогатого скота ярославской породы // В книге: Интеграция науки и высшего образования, как основа инновационного развития аграрного производства. Материалы всероссийской научно-практической конференции с международным участием. – 2019. – С. 36-38.
18. Букаров, Н.Г. Современное состояние использования генетических маркеров в племенном скотоводстве [Текст]/ С.Ф. Силкина, Н.Г. Букаров//Сборник научных трудов. Выпуск 5. СНИИЖК. Ставрополь, 2012. – С.41
19. Глазкова Н.Ю. Иммуногенетический полиморфизм у голштинских коров ООО «Юпитер» Орловской области// *Вестник аграрной науки.* – 2019. – №2. – С. 135-138.
20. Глазкова, Н. Ю. Иммуногенетический полиморфизм молочного скота на примере ОАО «Орловское» по племенной работе [Электронный ресурс]: выпускная квалификационная работа / Н. Ю. Глазкова. – Электрон. дан. – Орел: Изд-во Орловского ГАУ, 2018.
21. Фокша В.Ф. Использование генетических маркеров при оценке быков-производителей / В.Ф. Фокша, А.Г. Констандогло// *Зоотехническая наука Беларуси* – 2004. – № 39. – С. 139-142
22. Егорашина Е.В., Тамарова Р.В. Повышение эффективности разведения молочного скота методом маркерной селекции // В книге: Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии. Сборник тезисов докладов 19-ой Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии». – 2019. – С. 122-124.
23. Ben J. Hayes, Harris A. Lewin, Michael E. Goddard The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation // *Trends in Genetics.* – 2013. – V.29, Issue 4. – P. 206-214 <https://doi.org/10.1016/j.tig.2012.11.009>
24. Dekkers, J.C.M., and Hospital, F. Multifactorial genetics: the use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations // *Nat. Rev. Genet.* – 2002. – 3. – P. 22-32.
25. Goddard, M.E., and Hayes, B.J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes // *Nat. Rev. Genet.* – 2009. – V.10. – P. 381-391.
26. Bernardo, R. Genomewide selection when major genes are known // *Crop Sci.* – 2014. – V.54. – P. 68-75.
27. Bernardo, R., and Yu, J. Prospects for genomewide selection for quantitative traits in maize. *Crop Sci.* – 2007. – V.47. – P. 1082-1090.
28. Hickey, J.M., Chiurugwi, T., Mackay, I., Powell, W. Implementing Genomic Selection in CGIAR Breeding Programs Workshop Participants. Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for biological discovery // *Nat. Genet.* – 2017. – V.49. – P. 1297–1303.
29. Jonas, E., and de Koning, D.-J. Does genomic selection have a future in plant breeding? // *Trends Biotechnol.* – 2013. – V.31. – P. 497–504.
30. Desta, Z.A., and Ortiz, R. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement // *Trends Plant Sci.* – 2014. – V.19. – P. 592–601.
31. Berry D., Kearney F., Harris B. Genomic selection in Ireland // *Interbull*, Uppsala, Sweden. 2009. – № 39. – P. 29-34.
32. Eui-Soo Kim, Max F. Rothschild Genomic adaptation of admixed dairy cattle in East Africa // *Frontiers in Genetics.* – 2014. – Volume 5. – <https://doi.org/10.3389/fgene.2014.00443>
33. Habier, D., Tetens J., Seefried F-R, Lichtner P., Thaller G. The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle // *Genet. Sel. Evol.* – 2010. – № 42. – P. 5

34. Harris, B.L., Johnson D.L. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation // J. Dairy Sci. – 2010. – № 93. – P. 1243- 1252.
35. Епишко, Т.И., Епишко О.А. SNP-маркеры в геномной селекции молочного скота // Розведение і генетика тварин. – 2012. – № 46. – С. 282-284.
36. Кислякова, Е.М., Исупова Ю.В., Якимова В.Ю., Кузнецова М.К. Использование результатов геномной оценки в селекции крупного рогатого скота // Молочное и мясное скотоводство. – 2023. – № 5. – С. 35-39.
37. Сермягин, А.А., Нарышкина Е.Н., Карпушкина Т.В., Стрекозов Н.И., Зиновьева Н.А. Перспективы использования оценки геномной племенной ценности в селекции молочного скота // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – № 7. – С. 2-5.
38. Goddard, M.E., Hayes B.J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes // Nature reviews / Genetics. – 2009. – №6. – Vol. 10. – P. 381-391
39. Daetwyler, H.D., Villanueva B., Bijma P., Woolliams J.A. Inbreeding in genome-wide selection // J. Anim. Breed. Genet. – 2007. – Vol. 124. – P. 369-376
40. Lillehammer, M.A., Meuwissen T.H.E., Sonesson A.K. comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection // Journal of Dairy Science. – V.94, Issue 1. – 2011. – P. 493-500
41. Исупова, Ю.В., Юдин В.М. Продуктивность дочерей быков-производителей в зависимости от генотипа каппа-казеина (K-CAS) // Научное и кадровое обеспечение АПК для продовольственного импортозамещения: материалы Всерос. науч.-практ. конф. – МСХ РФ, ФГБОУ ВПО Ижевская ГСХА. – 2016. – С. 103-105
42. Calus, M.P.L., Meuwissen H.E., de Roos A.P.W., Veerkamp R.F. Accuracy of genomic selection using different methods to define haplotypes // Genetics. – 2008. – V.183. – P.553-561.
43. Daetwyler H.D., Villanueva B., Woolliams J.A. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach // PLoS ONE. – 2008. – V.3. – P. e3395
44. Goddard, M.E. Genomic selection: prediction of accuracy and maximization of longterm response // Genetica. – 2009. – V.136. – P.245-257
45. Dekkers, J.C.M. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory // J. Anim. Breed. Genet. – 2007. – V. 124. – P.331-341
46. VanRaden, P.M., VanTassell C.P., Wiggans G.R., Sonstegard T.S., Schnabel R.D., Taylor J.F., Schenkel F.S. Invited review: reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls // J. Dairy Sci. – 2009. – V.74. – P.2737-2746.
47. De Roos, A.P.W., Schrooten C., Mullaart E., van der Beek S., de Jong G., Voskamp W. Genomic selection at CRV // Interbull Bulletin. – 2009. – V.39. – P.47-50
48. Manjit, Panigrahi, Harshit Kumar, K.A. Saravanan, Divya Rajawat, Sonali Sonejita Nayak, Kanika Ghildiyal, Kaiho Kaisa, Subhashree Parida, Bharat Bhushan, Triveni Dutt Trajectory of livestock genomics in South Asia: A comprehensive review // Gene. – 2022. – V. 843. – p.146808
49. Бейшова, И.С., Белая Е.В., Траисов Б.Б., Ковальчук А.М. Ассоциация полиморфных генов соматотропинового каскада с признаками мясной продуктивности у коров аулиекольской и казахской белоголовой пород // Современная наука: актуальные проблемы теории и практики: Серия «Естественные науки». – 2017 г. – №12. – С. 5-10.
50. Бейшова, И.С., Белая Е.В., Баймишев Х.Б., Траисов Б.Б. Влияние сочетаний соматотропных генов на мясную продуктивность крупного рогатого скота // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2018. – № 2. – С.51-57
51. Andersson, L., Georges M. Domestic-animal genomics: deciphering the genetics of complex traits // Nat. Rev. Genet. – 2004. – V.5. – P.202-212.
52. Hayes, B., Goddard M. Genome-wide association and genomic selection in animal breeding // Genome. – 2010. – V.53 (11). – <https://doi.org/10.1139/G10-076>
53. Cruz, E.E-V., Guilherme L.P., Rogério A.C., et all. Effect of the g.98535683A>G SNP in the CAST gene on meat traits of Nellore beef cattle (Bos indicus) and their crosses with Bos taurus // Meat Science. – 2017. – V.123. – P.64-66
54. Electronic journal «1000 Bull Genomes Project», access mode [www.1000bullgenomes.com/] Accessed January 3, 2019
55. Hayes, B.J., Daetwyler H.D. 1000 bull genomes project to map simple and complex genetic traits in cattle: applications and outcomes // Annu. Rev. Anim. Biosci. – 2019. – V.7. – P.89-102. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-020518-115024>
56. Bouwman, A.C., Daetwyler H.D., Chamberlain JA, et al. Meta-analysis of genome-wide association studies for cattle stature identifies common genes that regulate body size in mammals. Nat Genet. – 2018. – V.50. – P.362-367.

57. Daetwyler, H.D., Capitan A., Pausch H., et al. Whole-genome sequencing of 234 bulls facilitates mapping of monogenic and complex traits in cattle. *Nat Genet.* – 2014. – V.46. – P.858-865.
58. Сермягин, А.А. Перспективы использования оценки геномной племенной ценности в селекции молочного скота / А.А. Сермягин, Е.Н. Нарышкина, Т.В. Карпушкина, Н.И. Стрекозов, Н.А. Зиновьева // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – №7. – С.2-5
59. Wang, X. A comparison of genomic selection methods for breeding value prediction / X. Wang, Z. Yang, C. Xu // *Science Bulletin.* – May 2015. – Volume 60, Issue 10. – P. 925-935
60. Goddard, M.E. Genomic selection / M.E. Goddard, B. Hayes // *J. Anim. Breed Genet.* – 2007. – Vol. 124. – P. 323-330
61. Henderson, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model / C.R. Henderson // *Biometrics.* – 1975. – Vol. 31. – P. 423-447
62. Lande, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits / R. Lande, R. Thompson // *Genetics.* – 1990. – Vol. 124. – P. 743-756
63. Meuwissen, T.H.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps / T.H.E. Meuwissen, B.J. Hayes, M.E. Goddard // *Genetics.* – 2001. – Vol. 157. – P. 1819-1829.
64. Sellner, E.M. Board-invited review: Applications of genomic information in livestock / E.M. Sellner, J.W. Kim, M.C. McClure, K.H. Taylor, R.D. Schnabel, T.F. Taylor // *J. Anim. Sci.* – 2007. – V. 85. – P. 3148-3158
65. Hayes, B.J. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges / B.J. Hayes, P.J. Bowman, A.J. Chamberlain, M.E. Goddard // *J. Dairy Sci.* – 2009. – V.92. – P.433-443
66. Калашникова, Л. Геномная оценка молочного скота / Л. Калашникова // Молочное и мясное скотоводство. – 2010. – №1. – С.10-12
67. Айдашев, Б.А. Изменчивость и повторяемость основных селекционируемых признаков у коров алатауской породы / Б.А. Айдашев // *Аграрная наука: сер. Животноводство.* – 2007. – №2. – С.24-26
68. Стрекозов, Н.И. Разведение высокоудойных коров / Н.И. Стрекозов // *Животноводство России.* – 2004. – №5. – С.30-31
69. König, S. Economic evaluation of genomic breeding programs / S. König, H. Simianer, A. Willam // *J. Dairy Sci.* – 2009. – V.92. – P.382-391.
70. Юдин, Н.С. Применение репродуктивных технологий для повышения эффективности геномной селекции молочного крупного рогатого скота / Н.С. Юдин, К.И. Лукьянов, М.И. Воевода, Н.А. Колчанов // *Вавиловский журнал генетики и селекции.* – 2015. – №19 (3). – С. 277-285
71. Мымрин, В.С. Использование геномных индексов для отбора быков-производителей / В.С. Мымрин, О.А. Ткачук, Н.Е. Шавшукова // *Молочное и мясное скотоводство.* – 2012. – №4. – С.4-6
72. Попов, Н.А. Генетический мониторинг в селекции сельскохозяйственных животных / Н.А. Попов, А.В. Баранов, В.Ф. Максименко, В.К. Чернушенко, Р.М. Дубровская, А.А. Новиков, С.П. Безенко, Ю.П. Фомичев // *Проблемы развития и научное обеспечение животноводства Евро-Северо-Востока России: сборник материалов научно-практической конференции.* – г. Кострома, 23-25 июня 2003 г. – Кострома, 2005. – 376 с.
73. Börner, V. Optimum multistage genomic selection in dairy cattle / V. Börner, F. Teuscher, N. Reinsch // *Journal of Dairy Science.* – Volume 95. – Issue 4. – April 2012. – P. 2097-2107
74. Calus, M.P.L. Accuracy of breeding values when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of one SNP per cM / M.P.L. Calus, R.F. Veerkamp // *J. Anim. Breed. Genet.* – 2007. – V. 124. – P.362-368. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00691.x>
75. Muir, W.M. Comparison of genomic and traditional BLUP estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters / W.M. Muir // *J. Anim. Breed. Genet.* – 2007. – V.124. – P.342-355. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00700.x>