

ERNST JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE

# УСПЕХИ НАУК О ЖИВОТНЫХ

№3  
2025г.



ISSN: 3034-493X

# УСПЕХИ НАУК О ЖИВОТНЫХ

№3  
2025г.

Сетевое научное издание

## УЧРЕДИТЕЛЬ

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. Л.К. Эрнста»

## ГЛАВНЫЙ РЕДАКТОР

**Зиновьева Н.А.** — доктор биологических наук, профессор, академик РАН,  
директор ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

## РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ

**Багиров В.А.** — доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент РАН, директор Департамента координации деятельности организаций в сфере сельскохозяйственных наук Министерства науки и высшего образования РФ

**Донник И.М.** — доктор биологических наук, профессор, академик РАН, помощник президента ФГБУ НИЦ «Курчатowski институт»

**Кузьмина Т.И.** — доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник ВНИИГРЖ — филиала ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Столповский Ю.А.** — доктор биологических наук, заведующий лабораторией сравнительной генетики животных ФГБНУ «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук»

## РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ

Заместитель главного редактора

**Осадчая О.Ю.** — кандидат сельскохозяйственных наук, заместитель директора по научно-организационной работе и работе с филиалами ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Абдельманова А.С.** — доктор биологических наук, заведующая лабораторией ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Боголюбова Н.В.** — доктор биологических наук, заведующая отделом ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Волкова Н.А.** — доктор биологических наук, профессор РАН, заведующая лабораторией ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Гладырь Е.А.** — кандидат биологических наук, заведующая лабораторией ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Двалишвили В.Г.** — доктор сельскохозяйственных наук, главный научный сотрудник ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Денискова Т.Е.** — кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Лебедева И.Ю.** — доктор биологических наук, заведующая лабораторией ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Некрасов Р.В.** — доктор сельскохозяйственных наук, профессор РАН, заведующий отделом ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Остренко К.С.** — доктор биологических наук, заведующий лабораторией ВНИИФБиП — филиала ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Пальянов А.А.** — кандидат технических наук, заведующий аспирантурой ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Сермягин А.А.** — кандидат сельскохозяйственных наук, директор ВНИИГРЖ — филиала ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Сивкин Н.В.** — кандидат сельскохозяйственных наук, учёный секретарь ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

**Сингина Г.Н.** — кандидат биологических наук, заведующая лабораторией ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

Выпускающий редактор

**Ершова А.И.** — начальник отдела информационной политики и международного сотрудничества ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста

# ERNST JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE

№3  
2025

Online scientific journal

## FOUNDER

Federal State Budgetary Scientific Institution  
«Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst»

## EDITOR-IN-CHIEF

**Natalia A. Zinovieva** — Doctor of Biological Sciences, Professor, Member of the RAS,  
Director, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

## EDITORIAL COUNCIL

**Vugar A. Bagirov**, Doctor of Biological Sciences, Professor, Corresponding member of the RAS, Director of the Department for Coordination of Organizations in the Field of Agricultural Sciences, Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation

**Irina M. Donnik**, Doctor of Biological Sciences, Professor, Member of the RAS, Assistant to the President, the National Research Centre Kurchatov Institute

**Tatiana I. Kuzmina**, Doctor of Biological Sciences, Professor, Chief Researcher, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Yurii A. Stolpovsky**, Doctor of Biological Sciences, laboratory head, Vavilov Institute of General Genetics

## EDITORIAL BOARD

### Deputy Editor

**Olga Yu. Osadchaya**, Candidate of Agricultural Sciences, deputy director, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Alexandra S. Abdelmanova**, Doctor of Biological Sciences, laboratory head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Nadezhda V. Bogolyubova**, Doctor of Biological Sciences, department head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Natalia A. Volkova**, Doctor of Biological Sciences, RAS Professor, department head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Elena A. Gladyr**, Candidate of Biological Sciences, laboratory head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Vladimir G. Dvalishvili**, Doctor of Agricultural Sciences, chief researcher, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Tatiana E. Deniskova**, Candidate of Biological Sciences, leading researcher, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Irina Yu. Lebedeva** Doctor of Biological Sciences, laboratory head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Roman V. Nekrasov**, Doctor of Agricultural Sciences, RAS Professor, department head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Konstantin S. Ostrenko**, Doctor of Biological Sciences, laboratory head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Andrey A. Palyanov**, Candidate of Technical Sciences, department head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Alexander A. Sermyagin**, Candidate of Agricultural Sciences, branch director, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Nikolay V. Sivkin**, Candidate of Agricultural Sciences, scientific secretary, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

**Galina N. Singina**, Candidate of Biological Sciences, laboratory head, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

### Managing editor

**Anastasiya I. Ershova**, head of the Information Policy and International Cooperation Department, L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry

# Содержание

## Биологические науки

- Зиновьева Н.А., Абдельманова А.С., Багиров В.А., Паштецкий А.В., Мамонтова Т.В., Сермягин А.А., Гусев И.В. **4—15**  
**Геномная архитектура экспериментальной популяции кроссбредного скота на основании анализа полногеномных SNP-генотипов**
- Марзанов Н.С. **16—40**  
**Состояние молочного овцеводства в России и за рубежом**
- Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А. **41—51**  
**Современные достижения в геномике тутового шелкопряда (*Bombyx mori*): от молекулярных маркеров к полному геному**

## Зоотехния и ветеринария

- Лашнева И.А., Сермягин А.А. **52—73**  
**Использование биомаркеров молока для оценки продуктивных качеств и физиологического статуса коров**
- Зеленченкова А.А., Боголюбова Н.В. **74—88**  
**Современные методы исследования ферментации в рубце *in vitro***

# Contents

## Biological Sciences

- N.A. Zinovieva., A.S. Abdelmanova, V.A. Bagirov, A.V. Pashtetsky, T.V. Mamontova A.A. Sermyagin, I.V. Gusev **4—15**  
**Genomic architecture of an experimental population of crossbred cattle based on the analysis of genome-wide SNP genotypes**
- N.S. Marzanov **16—40**  
**The state of dairy sheep farming in Russia and abroad**
- O.A. Koshkina, T.E. Deniskova, N.A. Zinovieva **41—51**  
**Modern advances in silkworm (*Bombyx mori*) genomics: from molecular markers to complete genome**

## Animal and Veterinary Science

- I.A. Lashneva, A.A. Sermyagin **52—73**  
**Use of milk biomarkers to assess productive qualities and physiological status of cows**
- A.A. Zelenchenkova, N.V. Bogolyubova **74—88**  
**Modern *in vitro* rumen fermentation research method**

УДК: 636.2.034, 575.174

## Геномная архитектура экспериментальной популяции кроссбредного скота на основании анализа полногеномных SNP-генотипов

Зиновьева Н.А.<sup>1</sup>, Абдельманова А.С.<sup>1</sup>,  
Багиров В.А.<sup>2</sup>, Паштецкий А.В.<sup>3</sup>,  
Мамонтова Т.В.<sup>3</sup>, Сермягин А.А.<sup>1</sup>,  
Гусев И.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Московская обл., Россия

<sup>2</sup> Министерство науки и высшего образования РФ,  
Москва, Россия

<sup>3</sup> ФГБНУ ГBS РАН, Московская обл., Россия

**Аннотация.** Скрещивание европейского (*Bos taurus*) и зебувидного (*Bos indicus*) крупного рогатого скота рассматривается в качестве одного из приемов, направленных на улучшение хозяйственно-полезных качеств и поддержание биоразнообразия в популяциях сельскохозяйственных животных. В настоящей работе дана оценка генетической структуры экспериментальной популяции кроссбредного скота для совершенствования программы разведения, направленной на улучшение хозяйственно-полезных качеств при сохранении зебу-специфических геномных компонентов. Исследуемая выборка была представлена образцами животных научно-экспериментального хозяйства «Снегири» Главного ботанического сада Российской академии наук (НЭХ «Снегири» ГBS РАН), генотипированными по ок. 50 тыс. SNP с использованием ДНК-чипа Bovine SNP BeadChip (Zebucow, n=221). В набор данных, используемый для анализа, в качестве групп сравнения были дополнительно включены генотипы 494 образцов 27 групп крупного рогатого скота, в том числе 21 группа зебувидного скота различного происхождения, 4 группы кроссбредного скота, а также две группы европейского (голландского и черно-пестрого) скота. Установлена общность генетического происхождения изучаемой экспериментальной популяции кроссбредного скота с генофондной популяцией черно-пестрого крупного рогатого скота при формировании собственной генетической структуры, отличающейся как от черно-пестрого, так и от голландского скота. Показано присутствие в исследуемой выборке животных, сохранивших зебу-специфические геномные компоненты, которые должны стать приоритетным объектом для консервации. Сохранение в экспериментальной популяции аутентичных компонентов черно-пестрого скота позволяет рассматривать ее как значимый национальный генетический ресурс, требующий дальнейшего сохранения как резерва изменчивости. Результаты проведенных исследований могут быть использованы при разработке сбалансированных программ разведения, основанных на вовлечении в дальнейшее воспроизводство животных, несущих геномные компоненты как черно-пестрого, так и зебувидного скота, и направленных на повышение их племенной ценности по основным хозяйственно-полезным признакам.

**Ключевые слова:** *Bos taurus*, *Bos indicus*, кроссбредный скот, Bovine SNP BeadChip, адмиксия.

**Для цитирования:** Зиновьева Н.А., Абдельманова А.С., Багиров В.А., Паштецкий А.В., Мамонтова Т.В., Сермягин А.А., Гусев И.В. Геномная архитектура экспериментальной популяции кроссбредного скота на основании анализа полногеномных SNP-генотипов // Успехи наук о животных. 2025. № 3, с. 4–15. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.001.

## Genomic architecture of an experimental population of crossbred cattle based on the analysis of genome-wide SNP genotypes

N.A. Zinovieva<sup>1</sup>, A.S. Abdelmanova<sup>1</sup>,  
V.A. Bagirov<sup>2</sup>, A.V. Pashtetsky<sup>3</sup>,  
T.V. Mamontova<sup>3</sup>, A.A. Sermyagin<sup>1</sup>,  
I.V. Gusev<sup>1</sup>

<sup>1</sup> L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry  
Moscow Region, Russia

<sup>2</sup> Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation  
Moscow, Russia

<sup>3</sup> N.V. Tsitsin Main Botanical Garden, Moscow Region, Russia

**Abstract.** The crossing of European (*Bos taurus*) and Zebu (*Bos indicus*) cattle is considered as one of the assays aimed at improving economically important traits and maintaining biodiversity in farm animal populations. The purpose of this work was to evaluate the genetic structure of an experimental population of crossbred cattle to develop the breeding program aimed at improving economically important traits while preserving Zebu-specific genomic components. The studied sample was represented by animals of experimental farm "Snegiri" of the Main Botanical Garden of the Russian Academy of Sciences, which were genotyped by approx. 50 thousands SNP using the Bovine SNP BeadChip (Zebucow, n=221). In the dataset used for the analysis was completed by genotypes of 494 samples from 27 groups of cattle, including 21 groups of Zebu of different origin, 4 groups of crossbred cattle, as well as 2 groups of European (Holstein and Black-and-White) cattle, as comparison groups. The shared genetic origin of the studied experimental population of crossbred cattle with the gene pool population of Black-and-White cattle has been shown at formation of its own genetic structure, which differs it from both Black-and-White and Holstein cattle. The presence of Zebu-specific genomic components in the studied sample, which should become a priority object for conservation, is shown. The preservation of authentic components of Black-and-White cattle in the experimental population allows considering it as a significant national genetic resource that requires further conservation as a reserve of variability. The results of the conducted research can be used in the development of balanced breeding programs based on the involvement in further reproduction of animals carrying genomic components, both Black-and-White and Zebu cattle, and aimed at increasing their breeding value for main economically important traits.

**Keywords:** *Bos taurus*, *Bos indicus*, crossbred cattle, Bovine SNP BeadChip, admixture.

**For citation:** Zinovieva NA, Abdelmanova AS, Bagirov VA, Pashtetsky AV, Mamontova TV, Sermyagin AA, Gusev IV. Genomic architecture of an experimental population of crossbred cattle based on the analysis of genome-wide SNP genotypes. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 3: 4–15. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.001.

Одним из подходов к поддержанию биоразнообразия сельскохозяйственных животных является поиск таких видов, гибридизация с которыми могла бы повысить эффективность получения от них животноводческой продукции, а также увеличить их адаптивный потенциал [1]. В скотоводстве эта задача может быть решена скрещиванием европейского (*Bos taurus*) и зебувидного (*Bos indicus*) крупного рогатого скота, помеси которых являются плодовитыми и способными к дальнейшему разведению. Исторически зебувидный скот характеризуется более низкой продуктивностью по сравнению со специализированными молочными и мясными породами европейского скота, однако преимуществом зебувидного скота является его исключительная термоустойчивость, которая достигается за счет более низкого уровня метаболизма, устойчивости тканей организма к теплопередаче, относительно высокого соотношения поверхности к объему тела, поверхности кожи с большей защитой от солнечного излучения, а также лучшими иммунной приспособленностью и выживаемостью клеток в условиях воздействия высоких температур [2]. Так, например, для одновременного повышения продуктивности и термоустойчивости крупного рогатого скота, выращиваемого в условиях жаркого климата Бразилии, широко используется промышленное скрещивание зебувидного скота породы Nellore с европейскими породами мясного скота, главным образом абердин-ангусской [3]. Сравнение биотермических реакций помесного (F1, Неллоре х Абердин-ангусская) и чистокровного скота породы Неллоре показало более высокие уровни теплопродукции, теплоаккумуляции и кожного испарения у помесного скота в умеренных тепловых условиях. На основании полученных данных был сделан вывод о способности обоих генотипов поддерживать свой тепловой баланс при относительно низкой потребности в энергии для терморегуляции [4].

В отделе отдаленной гибридизации (ранее – научно-экспериментальное хозяйство «Снегири») ФГБНУ «Главный ботанический сад имени Н.В. Цицина Российской академии наук» (ГБС РАН) поддерживается экспериментальное стадо кроссбредного крупного рогатого скота, полученное скрещиванием европейского скота черно-пестрой, айрширской и джерсейской пород с азербайджанским, кубинским, новозеландским зебу, а также индийским зебу породы сахивал. С конца 90-ых годов с целью повышения уровня молочной продуктивности осуществлялось прилитие крови голштинского скота [5]. По данным 2007 г., кровность гибридных животных по зебу разных подвидов варьировала от 1/8 до 1/32 [6]. Доля гибридов крупного рогатого скота с индийским зебу составляла 18% всего поголовья, с новозеландским – 23%, с азербайджанским – 54%, с кубинским – 5% [7]. В последующие годы системной работы, направленной на сохранение зебувидных генетических компонентов, в экспериментальном стаде не проводилось. Недавние (2024 г.) исследования выборки зебувидного скота экспериментального стада с использованием STR-маркеров показали промежуточные значения уровня генетического разнообразия по сравнению с восемью европейскими породами скота, включая холмогорскую, ярославскую, красную горбатовскую, костромскую, тагильскую, серую украинскую, голштинскую и бурую швицкую. Уровень аллельного разнообразия составил  $A_r=5,96$  против  $A_r=4,87-6,70$ ; ожидаемая гетерозиготность  $H_e=0,72$  против  $H_e=0,68-0,76$  [8]. Принимая во внимание малую численность популяции зебувидного скота, полученные сопоставимые значения уровня генетического разнообразия могут указывать на использование в последние годы неродственного генетического материала при разведении зебувидного скота. На генеалогическом дереве исследуемая выборка зебувидного скота образовывала общий кластер с голштинской породой [8], что может указывать на участие голштинского скота или родственных ему пород (например, черно-пестрой) в формировании современного аллелофонда зебувидного скота. По мнению Бекетова С.В. [8], выявленные в популяции

зебувидного скота генетическая и фенотипическая неоднородности связаны с уменьшением действия искусственного отбора. На наш взгляд, дополнительным фактором может быть использование в разведении скота иного генетического происхождения.

Развитие технологии BeadArray [9] сделало возможным проведение одновременного генотипирования десятков и сотен тысяч однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Анализ полученных SNP-генотипов позволил расширить наше понимание популяционно-генетической структуры сельскохозяйственных животных, происхождения пород и генетических связей между популяциями [10]. С использованием этого высокоинформативного молекулярно-генетического инструмента были проведены исследования целого ряда трансграничных пород, а также локальных пород крупного рогатого скота Европы, Северной Америки, Азии и Африки, что позволило дать характеристику генетической архитектуры пород и уточнить их демографическую историю [11-13]. Так, например, анализ современного аллелофонда крупного рогатого скота ярославской и холмогорской пород показал незначительное участие в его формировании других пород, в том числе голштинской [14, 15]. В черно-пестрой, истобенской и тагильской породах скота, напротив, была выявлена заметная доля геномных компонентов, специфичных для голштинской породы [16, 17]. На основании анализа SNP-генотипов была показана возможность четкой дифференциации пород крупного рогатого скота по их происхождению от двух предковых популяций, ведущих свое происхождение от общего предшественника – тура (*Bos primigenius*) и одомашнированных независимо друг от друга на Ближнем востоке (европейский скот, *Bos taurus*) и индийском субконтиненте (зебувидный скот, *Bos indicus*), а также выявления кроссбредных пород [11, 18] и случаев гибридизации зебувидного скота с европейским [19]. Анализ полногеномных SNP-генотипов сделал возможным идентификацию участков генома, подвергшихся давлению отбора в процессе формирования пород и ассоциированных с хозяйственно-полезными фенотипами как у европейского [15], так и у зебувидного крупного рогатого скота [20, 21]. Исследования, проведенные на кроссбредных коровах (*B. indicus* × *B. taurus*), показали, что эволюционные различия между *B. indicus* и *B. taurus* по молочной продуктивности, проявляющиеся у кроссбредных коров, имеют место в большом числе участков генома, при этом некоторые локусы характеризуются значительным влиянием. Наиболее сильный эффект был установлен для региона BTA5 (43,98–49,44 Mbp), который дифференцирует *B. indicus* и *B. taurus*, и обуславливает около 10% различий в среднем уровне молочной продуктивности в пользу *Bos indicus*. Такие локусы являются полезными инструментами для геномной селекции у кроссбредного крупного рогатого скота [22]. Принимая во внимание высокую информационную мощность метода полногеномного анализа SNP, представляет интерес его применение для исследования геномной архитектуры экспериментальной популяции кроссбредного скота ГБС РАН.

**Целью** настоящей работы явилась оценка генетической структуры экспериментальной популяции кроссбредного скота для совершенствования программы разведения, направленной на улучшение хозяйственно-полезных качеств при сохранении зебу-специфических геномных компонентов.

**Материалы и методика исследований.** Для исследования были использованы образцы животных экспериментальной популяции кроссбредного крупного рогатого скота научно-экспериментального хозяйства «Снегири» Главного ботанического сада Российской академии наук (НЭХ «Снегири» ГБС РАН), отобранные в 2024 г. (Zebucow, n=221). Выделение ДНК проводили с использованием набора ДНК-Экс-тран-2 (ООО «НПФ Синтол», Россия) согласно рекомендациям производителя. Для оценки качества полученных препаратов ДНК выполняли измерение концентрации двухцепочечной ДНК с помощью флуориметра Qubit™ (Invitrogen, Life Technologies, USA) и определение отношения

поглощения образцом света при длине волн 260 нм и 280 нм (соотношение OD260/280) с помощью спектрофотометра NanoDrop 8000 (Thermo Fisher Scientific Inc., USA). Полногеномное SNP-генотипирование проводили с использованием ДНК-чипа средней плотности Bovine SNP BeadChip (Illumina Inc., CA, USA) в ООО «Мираторг-Генетика». В используемый для анализа набор данных были дополнительно включены SNP-генотипы зебувидного (*Bos indicus*), кроссбредного (*Bos taurus* × *Bos indicus*) и европейского (*Bos Taurus*) скота. Выборка зебувидного скота включала 20 чистопородных популяций зебу различного географического происхождения, популяцию Ongole Grade, в которой были выявлены случаи гибридизации с европейским крупным рогатым скотом [19], а также четыре популяции кроссбредного зебувидного скота, генотипы которых были получены из открытых источников. В выборку европейского скота были включены ранее генотипированные животные черно-пестрой (генофондные быки-производители породы, рожденные в 70-80-ых гг., из биологической коллекции ВНИИГРЖ – филиала ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста) и голштинской пород. Состав исследуемой выборки крупного рогатого скота представлен в таблице 1. Таким образом, используемый для анализа набор данных включал исследуемую выборку зебувидного скота и 27 групп крупного рогатого скота различной видовой принадлежности и происхождения.

Таблица 1. Состав выборки крупного рогатого скота, используемой в исследованиях кроссбредного скота экспериментального стада в качестве групп сравнения

№ п/п	Вид	Порода (популяция)		Страна	n	Ссылка
		код	наименование			
1	<i>B.i.</i>	ACE	Aceh	Индонезия	12	WIDDE
2	<i>B.i.</i>	ACH	Achai	Пакистан	12	WIDDE
3	<i>B.i.</i>	BAD	Bangladesh Zebu	Бангладеш	15	WIDDE
4	<i>B.i.</i>	BRE	Brebes	Индонезия	9	WIDDE
5	<i>B.i.</i>	CHO	Cholistani	Пакистан	11	WIDDE
6	<i>B.i.</i>	DAJ	Dajal	Пакистан	10	WIDDE
7	<i>B.i.</i>	DEH	Dehong	Китай	16	WIDDE
8	<i>B.i.</i>	DHA	Dhanni	Пакистан	12	WIDDE
9	<i>B.i.</i>	GBI	Gabrali	Пакистан	10	WIDDE
10	<i>B.i.</i>	GIR	Gir	Индия	27	WIDDE
11	<i>B.i.</i>	HAR	Hariana	Индия	10	WIDDE
12	<i>B.i.</i>	HIS	Hissar	Пакистан	10	WIDDE
13	<i>B.i.</i>	HNN	Hainan	Китай	2	WIDDE
14	<i>B.i.</i>	KAN	Kankraj	Индия	10	WIDDE
15	<i>B.i.</i>	LOH	Lohani	Пакистан	10	WIDDE
16	<i>B.i.</i>	NEL	Nelore	Бразилия	31	WIDDE
17	<i>B.i.</i>	PES	Pesisir	Индонезия	6	WIDDE
18	<i>B.i.</i>	ROJ	Rojhan	Пакистан	10	WIDDE
19	<i>B.i.</i>	RSI	Red Sindhi	Пакистан	10	WIDDE
20	<i>B.i.</i>	THA	Tharparkar	Индия, Пакистан	12	WIDDE
21	<i>B.i.*</i>	ONG	Ongole Grade	Индонезия	20	WIDDE
22	<i>B.i. x B.t.</i>	ZAR	Arabic zebu	Африка	35	WIDDE
23	<i>B.i. x B.t.</i>	ZBO	Zebu Bororo	Африка	23	WIDDE
24	<i>B.i. x B.t.</i>	ZFU	Zebu Fulani	Африка	43	WIDDE
25	<i>B.i. x B.t.</i>	ZMA	Zebu Madagascar	Мадагаскар	35	WIDDE
26	<i>B.t.</i>	HLST	Голштинская	Россия	82	ВИЖ
27	<i>B.t.</i>	BLWT	Черно-пестрая	Россия	11	ВИЖ

Примечание: вид: *B.i.* – *Bos indicus*, *B.t.* – *Bos Taurus*; *B.i.\** n – число голов. WIDDE – SNP-генотипы загружены из базы данных <http://widde.toulouse.inra.fr/widde/>; ВИЖ – SNP-генотипы депонированы в базе данных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Полученные SNP-генотипы были использованы для формирования объединенного набора данных, включающего SNP-генотипы 221 образца зебувидного скота ГБС РАН, в том числе 14 быков и 207 коров, и 494 образца 27 пород (популяций) крупного рогатого скота, использованных в качестве групп сравнения (см. табл. 1). Контроль качества и фильтрацию данных генотипирования проводили с использованием программы PLINK [23], с помощью которой из исходного набора данных были последовательно удалены образцы, имевшие менее 95% успешно генотипированных SNP (--mind 0.05), а также локусы, генотипированные менее чем у 90% животных (--geno 0.1) или показавшие частоту минорного аллеля менее 5% (--maf 0.05). Для оценки генетического разнообразия и генетической структуры популяций проводили дополнительную фильтрацию SNP по параметру неравновесия по сцеплению (linkage disequilibrium, LD). Были удалены SNP, для которых квадрат коэффициента корреляции ( $r^2$ ) между двумя соседними SNP внутри скользящего окна из 50 SNP с шагом перекрытия в 5 SNP превышал 0,5 (--indep-pairwise 50 5 0.5). Кроме того, были исключены SNP, локализованные на половых хромосомах, а также с неизвестной локализацией в геноме (сборка генома крупного рогатого скота ARS\_UMD 3.1.1 ([https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF\\_000003055.6](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000003055.6))).

Уровень генетического разнообразия оценивали по показателям наблюдаемой ( $H_o$ ) и несмещенной ожидаемой ( $uH_e$ ) гетерозиготности [24], коэффициенту инбридинга ( $uF_{IS}$ ) [25] и показателю аллельного разнообразия ( $A_R$ ) [26] с использованием R-пакета «diversity» [27]. Для характеристики генетических различий между группами проводили анализ главных компонент (PCA) с использованием PLINK v1.90 [23] с визуализацией полученных результатов с помощью R-пакета «ggplot2» [28]. Парные дистанции для идентичных по состоянию (identical-by-state, IBS) фрагментов были использованы для построения дендрограммы «сеть соседей» в программе SplitsTree 4.14.5 [29]. Парные значения  $F_{ST}$  [25] были рассчитаны в R-пакете «diveRsity» [27] и использовались для построения дендрограмм «сеть соседей» в программе SplitsTree 4.14.5 software [29].

Исследования кластерной структуры популяций было проведено в программе ADMIXTURE v1.23 [30]. Оптимальное число кластеров  $K$  было определено на основании наименьшей ошибки при процедуре перекрестной проверки, рассчитанной для значений  $K$  от 1 до 9. Визуализация результатов анализа была выполнена с использованием R пакета «BITE» [31].

**Результаты исследований.** По результатам проведенного контроля качества для проведения исследований было отобрано 26762 SNP, в том числе 23147 SNP при использовании дополнительного LD-фильтра.

Результаты оценки генетического разнообразия в исследуемой выборке крупного рогатого скота представлены в таблице 2.

Как следует из данных, представленных в таблице 2, уровень генетического разнообразия исследованной нами выборки Zebucow, оцененный по показателям аллельного разнообразия ( $A_R=1,466$ ) и несмещенной ожидаемой гетерозиготности ( $uH_e=0,367$ ), был достоверно выше ( $p<0,001$ ) по сравнению с чистопородными ( $A_R=1,132-1,256$ ;  $uH_e=0,153-0,234$ ) и кроссбредными ( $A_R=1,267-1,356$ ;  $uH_e=0,241-0,297$ ) популяциями зебувидного скота, использованными в качестве групп сравнения, и сопоставим с данными показателями, выявленными в выборке современного голштинского скота ( $A_R=1,461$ ;  $uH_e=0,365$ ). Достоверно ( $p<0,001$ ) более высокие значения генетического разнообразия в исследованной выборке были обнаружены в группе генофондного черно-пестрого скота ( $A_R=1,488$ ;  $uH_e=0,381$ ). Относительно меньшие значения генетического разнообразия в группах зебувидного скота можно объяснить тем, что выбор SNP для ДНК-чипа осуществлялся на основании распределения частот встречаемости аллелей, главным образом, в породах европейского скота, в связи с чем уровень генетического разнообразия в группах зебувидного скота может быть занижен [Ogunbawo A.R. et al., 2024]. В целом,

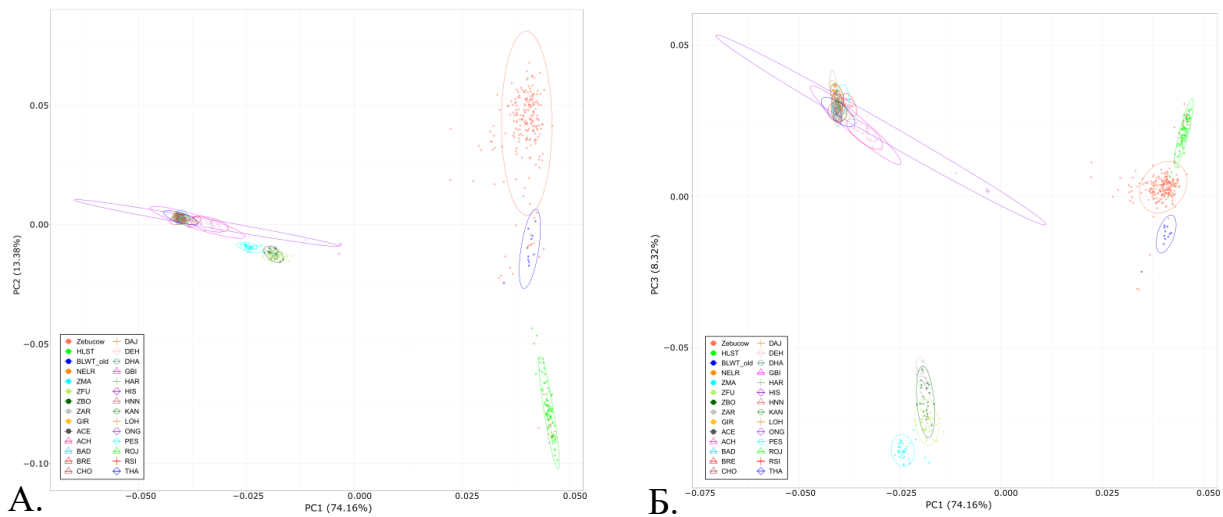
полученные результаты можно рассматривать как косвенное указание на существенное участие европейского скота в формировании аллелофонда исследуемой нами популяции Zebucow.

Таблица 2. Генетическое разнообразие исследованных групп крупного рогатого скота на основании анализа 23147 SNP

Группа	Ho	Ar	uHe	uFis
Zebucow	0,371±0,001	1,466±0,004	0,367±0,001	-0,005 [-0,006;-0,004]
ACE	0,187±0,001	1,191±0,003	0,193±0,001	0,027 [0,023;0,031]
ACH	0,232±0,001	1,256±0,004	0,234±0,001	0,006 [0,002;0,01]
BAD	0,207±0,001	1,222±0,003	0,188±0,001	0,016 [0,012;0,02]
BRE	0,195±0,001	1,209±0,004	0,205±0,001	0,039 [0,034;0,044]
CHO	0,189±0,001	1,181±0,003	0,187±0,001	-0,007 [-0,011;-0,003]
DAJ	0,208±0,001	1,213±0,004	0,207±0,001	-0,006 [-0,010;-0,002]
DEH	0,199±0,001	1,218±0,003	0,185±0,001	0,035 [0,031;0,039]
DHA	0,206±0,001	1,213±0,003	0,206±0,001	0,001 [-0,003;0,005]
GBI	0,230±0,001	1,252±0,004	0,231±0,001	0,002 [-0,002;0,006]
GIR	0,199±0,001	1,202±0,003	0,200±0,001	0,008 [0,005;0,011]
HAR	0,156±0,001	1,132±0,003	0,156±0,001	0,017 [0,011;0,023]
HIS	0,200±0,001	1,208±0,004	0,204±0,001	0,021 [0,016;0,026]
HNN	0,156±0,002	1,160±0,004	0,153±0,002	0,081 [0,070;0,092]
KAN	0,200±0,001	1,190±0,003	0,192±0,001	-0,033 [-0,037;-0,029]
LOH	0,205±0,001	1,222±0,004	0,212±0,001	0,026 [0,022;0,030]
NEL	0,197±0,001	1,196±0,003	0,196±0,001	-0,003 [-0,005;-0,001]
PES	0,176±0,002	1,155±0,004	0,171±0,001	-0,022 [-0,030;-0,014]
ROJ	0,204±0,001	1,217±0,004	0,209±0,001	0,020 [0,016;0,024]
RSI	0,193±0,001	1,214±0,004	0,207±0,001	0,056 [0,052;0,060]
THA	0,204±0,001	1,218±0,003	0,209±0,001	0,018 [0,014;0,022]
ONG	0,263±0,001	1,300±0,004	0,261±0,001	-0,012 [-0,015;-0,009]
ZAR	0,293±0,001	1,356±0,004	0,297±0,001	0,013 [0,011;0,015]
ZBO	0,289±0,001	1,353±0,004	0,295±0,001	0,018 [0,015;0,021]
ZFU	0,289±0,001	1,346±0,004	0,290±0,001	0,004 [0,002;0,006]
ZMA	0,237±0,001	1,267±0,004	0,241±0,001	0,013 [0,011;0,015]
HLST	0,362±0,001	1,461±0,004	0,365±0,001	0,012 [0,010;0,014]
BLWT	0,366±0,001	1,488±0,004	0,381±0,001	0,037 [0,033;0,041]

Примечание: группа: Zebucow – исследованная выборка зебувидного скота экспериментального стада, расшифровка аббревиатуры приведена в таблице 1; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; uHe – несмещенная ожидаемая гетерозиготность; Ar – аллельное разнообразие; uFis – несмещенный коэффициент инбридинга, рассчитанный на основании uHe.

Как показано на рисунке 1, на PCA-плоте первая главная компонента (PC1) четко дифференцировала крупный рогатый скот *Bos taurus* и *Bos indicus*, при этом животные Zebucow по оси X локализовались вместе с *Bos taurus*, что указывает на преимущественное участие в формировании их аллелофонда европейского крупного рогатого скота. Локализация массива исследованных животных Zebucow в непосредственной близости от черно-пестрого скота с интеграцией отдельных особей в массив последних позволяет полагать, что на формирование аллелофонда экспериментальной популяции Zebucow наиболее существенное влияние оказал черно-пестрый скот. Участие голштинского скота, напротив, было незначительным за исключением отдельных особей, которые на PCA-плоте локализовались внутри массива голштинского скота. Рассеивание части животных Zebucow в направлении зебувидного скота позволяет полагать наличие у них зебу-специфических геномных компонентов. В целом, популяция Zebucow формировала относительно обособленный массив как от популяций черно-пестрого, так и от голштинского скота, использованных в качестве групп сравнения.

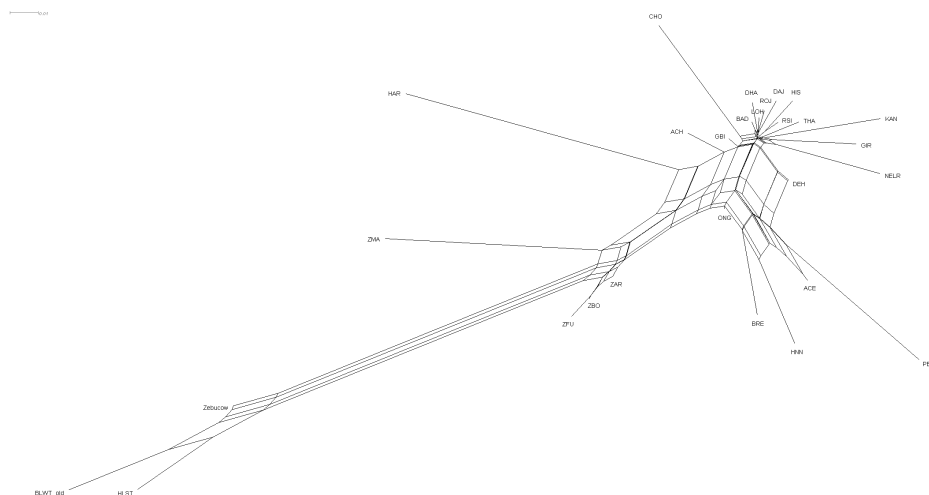


**Примечание:** А. ось X – главная компонента 1 (PC1), ось Y – главная компонента 2 (PC2); Б. ось X – главная компонента 1 (PC1), ось Y – главная компонента 3 (PC3); расшифровка аббревиатуры исследованных популяций крупного рогатого скота приведена в таблице 1.

**Рисунок 1.** Пространственная локализация исследованных популяций крупного рогатого скота по результатам анализа главных компонент на основании полногеномных SNP-генотипов

Анализ структуры генетической сети, построенной по методу «ближайшего соседа» на основании матрицы попарных значений  $F_{ST}$  (рис. 2), показал формирование популяциями зебувидного скота общего кластера. Популяция Zebucow вместе с европейскими породами скота формировали общую ветвь, что указывает на существенное участие европейского скота в формировании аллелофонда Zebucow. Локализацию популяции Zebucow на ребре сети можно рассматривать как указание на ее кроссбредное происхождение.

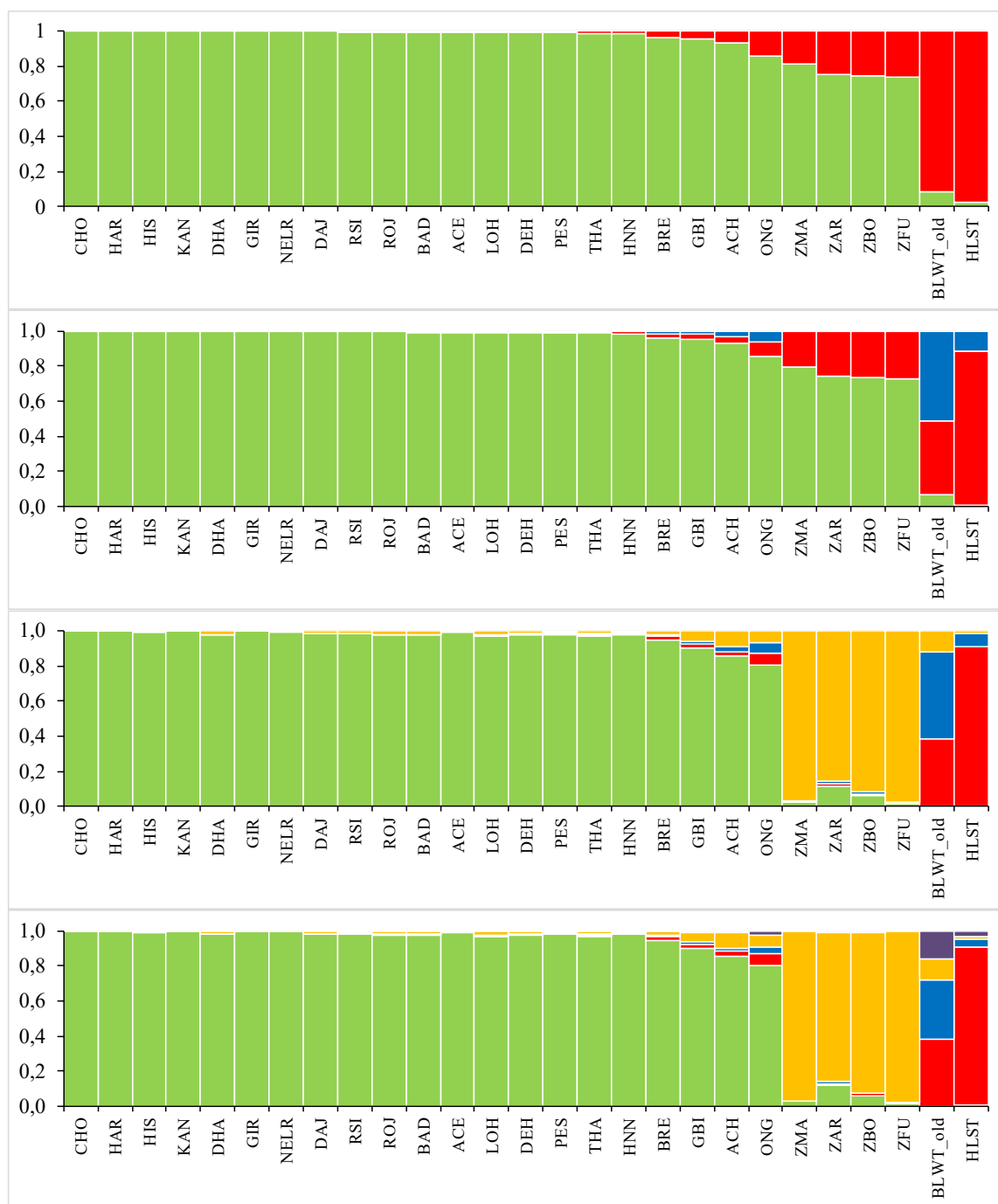
**Примечание:** расшифровка аббревиатуры исследованных популяций крупного рогатого скота приведена в таблице 1.



**Рисунок 2.** Генетическая сеть, построенная по методу «ближайшего соседа» на основании матрицы попарных значений  $F_{ST}$ , рассчитанных по 23147 SNP, для исследуемой выборки крупного рогатого скота

Графическое представление результатов анализа кластерной структуры исследованной выборки крупного рогатого скота для более легкой интерпретации

результатов было разделено на два набора данных (рис. 3, 4). Для популяций известного происхождения, использованных в качестве групп сравнения, были рассчитаны и визуализированы средние значения членства в соответствующем кластере (рис. 3), в то время как для популяции Zebusow была представлена генетическая структура для каждого из исследованных индивидуумов (рис. 4).

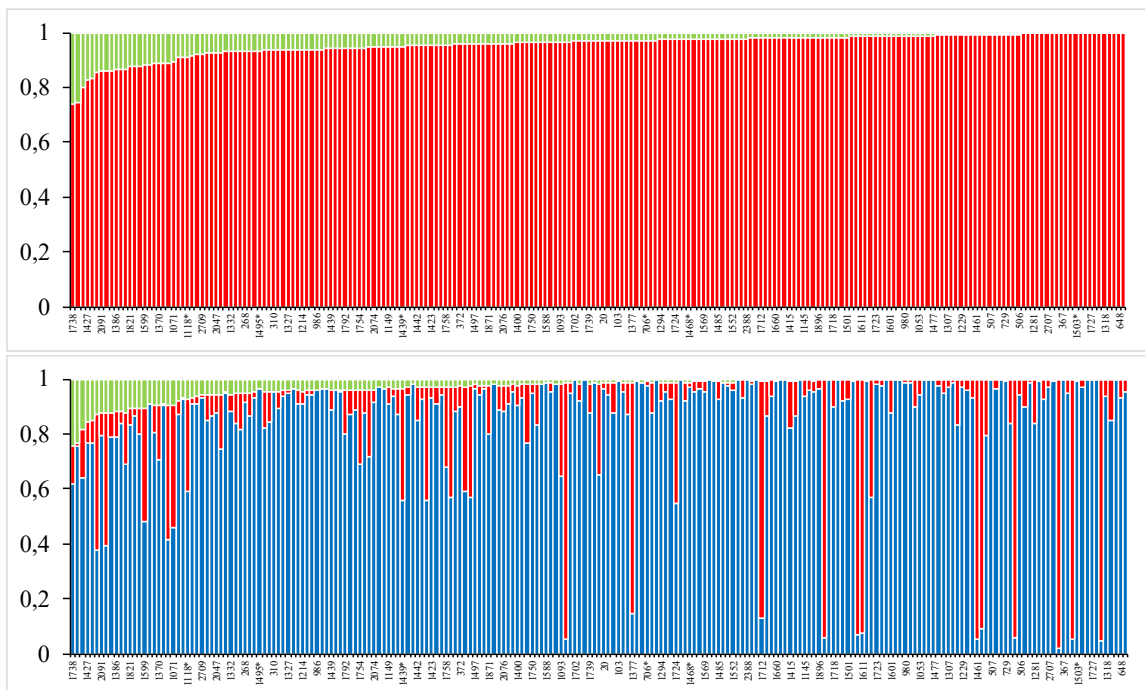


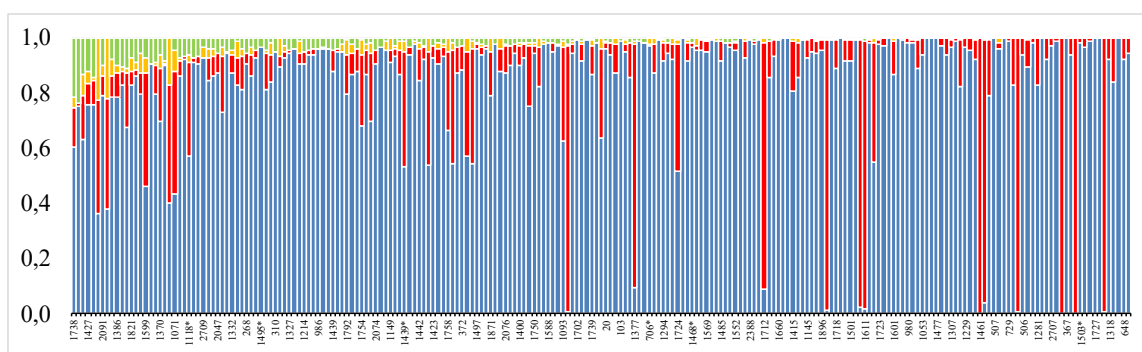
*Примечание:* для построения графика для каждой из исследованных групп крупного рогатого скота были использованы средние значения членства в соответствующем кластере; A – k=2; B – k=3; C – k=4; D – k=5; ось X – наименование группы крупного рогатого скота (табл. 1); ось Y – степень членства в соответствующем кластере.

**Рисунок 3.** Результаты Admixture-анализа для групп крупного рогатого скота, использованных в качестве групп сравнения

Как показано на рисунке 3, для числа кластеров k=2 наблюдается четкая дифференциация зебувидного и европейского скота. В группах кроссбредного зебувидного

скота проявляется адмиксия европейского скота. Следы зебу-специфических геномных компонентов прослеживаются в генофондной популяции черно-пестрого скота, что может быть следствием давней интрогрессии зебувидного скота. О возможной интрогрессии зебувидного скота в популяции европейского скота, разводимого на территории России, свидетельствует выявленный нами в образцах исторического ярославского скота, датированных первой половиной XX века, гаплотип I1 митохондриальной ДНК зебувидного скота (данные не опубликованы). При  $k=3$  в генетической структуре черно-пестрого скота наблюдается наличие трех кластеров, что показывает участие в его формировании различных предковых популяций, при этом на долю геномных компонентов, специфических для черно-пестрого скота, приходится 51,3%. При  $k=4$  наблюдается формирование кластера, специфического для популяций кроссбредного зебувидного скота, что можно рассматривать как указание на наличие у них собственной генетической структуры, сформировавшейся под воздействием направленного отбора. При  $k=5$  выделяется еще один породоспецифический кластер в группе черно-пестрого скота. Анализ кластерной структуры популяции Zebusow при  $k=2$  (рис. 4) показывает доминирующее участие в формировании ее генетической структуры европейского крупного рогатого скота. Формирующаяся структура популяции при  $k=3$  показывает, что участие европейского крупного скота в формировании популяции Zebusow представлено, главным образом, геномными компонентами черно-пестрого скота, в то время как специфические для голштинского скота компоненты являются доминирующими у небольшого числа представителей данной популяции. При  $k=4$ , проявляется наличие геномных компонентов, специфических для зебувидного скота кроссбредного происхождения (рис. 4). В целом, проведенные исследования генетической структуры популяции Zebusow показывают отсутствие видимого участия зебувидного скота в формировании аллелфонда большей части современных представителей популяции.





**Примечание:** цвета, маркирующие соответствующий кластер, соответствуют цветам на рис. 3; А –  $k=2$ ; В –  $k=3$ ; С –  $k=4$ ; ось X – номер животного; ось Y – степень членства в соответствующем кластере.

**Рисунок 4.** Результаты Admixture-анализа для групп крупного рогатого скота, использованных в качестве групп сравнения

Вместе с тем в исследованной выборке присутствуют отдельные животные, сохранившие видимую долю зебу-специфических геномных компонентов (табл. 3), что делает их значимым национальным генетическим ресурсом и приоритетным объектом для использования в программах сохранения генетических ресурсов.

**Таблица 3. Определение наличия зебу-специфических геномных компонентов у животных экспериментального стада**

№ жив.	K=2		K=3			K=4				
	Q1	Q2	Q1	Q2	Q3	Q1	Q2	Q3	Q4	Q2+Q4
	<i>B.t.</i>	<i>B.i.</i>	BLWT	<i>B.i.</i>	HLST	BLWT	<i>B.i._2</i>	HLST	<i>B.i._1</i>	<i>B.i.</i>
1738	0,741	<b>0,259</b>	0,616	<b>0,243</b>	0,140	0,606	<b>0,041</b>	0,138	<b>0,214</b>	<b>0,256</b>
1236	0,747	<b>0,253</b>	0,755	<b>0,234</b>	0,011	0,750	<b>0,000</b>	0,015	<b>0,235</b>	<b>0,235</b>
2036	0,800	<b>0,200</b>	0,641	<b>0,185</b>	0,174	0,633	<b>0,075</b>	0,160	<b>0,132</b>	<b>0,207</b>
1427	0,828	<b>0,172</b>	0,767	<b>0,154</b>	0,079	0,761	<b>0,045</b>	0,073	<b>0,122</b>	<b>0,167</b>
1376	0,833	<b>0,167</b>	0,768	<b>0,150</b>	0,082	0,760	<b>0,011</b>	0,086	<b>0,143</b>	<b>0,154</b>
997	0,856	<b>0,144</b>	0,377	<b>0,130</b>	0,492	0,363	<b>0,226</b>	0,411	<b>0,000</b>	<b>0,226</b>
2091	0,859	<b>0,141</b>	0,794	<b>0,124</b>	0,081	0,788	<b>0,037</b>	0,076	<b>0,100</b>	<b>0,136</b>
1685	0,862	<b>0,138</b>	0,394	<b>0,125</b>	0,481	0,379	<b>0,220</b>	0,401	<b>0,000</b>	<b>0,220</b>
417	0,862	<b>0,138</b>	0,792	<b>0,121</b>	0,087	0,786	<b>0,063</b>	0,075	<b>0,076</b>	<b>0,140</b>
1386	0,864	<b>0,136</b>	0,792	<b>0,119</b>	0,090	0,784	<b>0,028</b>	0,088	<b>0,100</b>	<b>0,128</b>
1031	0,864	<b>0,136</b>	0,838	<b>0,115</b>	0,047	0,832	<b>0,015</b>	0,047	<b>0,106</b>	<b>0,121</b>
1416	0,865	<b>0,135</b>	0,688	<b>0,120</b>	0,192	0,675	<b>0,016</b>	0,197	<b>0,112</b>	<b>0,128</b>
1821	0,875	<b>0,125</b>	0,833	<b>0,104</b>	0,063	0,829	<b>0,047</b>	0,051	<b>0,072</b>	<b>0,120</b>
1608	0,875	<b>0,125</b>	0,866	<b>0,107</b>	0,027	0,863	<b>0,028</b>	0,020	<b>0,089</b>	<b>0,117</b>
522	0,876	<b>0,124</b>	0,801	<b>0,106</b>	0,094	0,795	<b>0,074</b>	0,077	<b>0,054</b>	<b>0,128</b>
1599	0,883	<b>0,117</b>	0,483	<b>0,105</b>	0,412	0,462	<b>0,055</b>	0,413	<b>0,071</b>	<b>0,126</b>
2663	0,884	<b>0,116</b>	0,910	<b>0,090</b>	0,000	0,907	<b>0,000</b>	0,000	<b>0,093</b>	<b>0,093</b>
1682	0,888	<b>0,112</b>	0,805	<b>0,094</b>	0,101	0,797	<b>0,011</b>	0,103	<b>0,089</b>	<b>0,100</b>
1370	0,889	<b>0,111</b>	0,707	<b>0,095</b>	0,197	0,696	<b>0,050</b>	0,191	<b>0,063</b>	<b>0,112</b>
1122	0,890	<b>0,110</b>	0,902	<b>0,090</b>	0,008	0,898	<b>0,013</b>	0,007	<b>0,082</b>	<b>0,095</b>
1246	0,890	<b>0,110</b>	0,416	<b>0,096</b>	0,489	0,400	<b>0,168</b>	0,432	<b>0,000</b>	<b>0,168</b>
1071	0,892	<b>0,108</b>	0,458	<b>0,096</b>	0,446	0,434	<b>0,077</b>	0,443	<b>0,046</b>	<b>0,123</b>

996	0,908	<b>0,092</b>	0,871	<b>0,076</b>	0,053	0,863	<b>0,007</b>	0,056	<b>0,073</b>	<b>0,080</b>
1199	0,911	<b>0,089</b>	0,928	<b>0,067</b>	0,005	0,924	<b>0,000</b>	0,007	<b>0,069</b>	<b>0,069</b>
1118*	0,912	<b>0,088</b>	0,594	<b>0,074</b>	0,332	0,570	<b>0,024</b>	0,345	<b>0,061</b>	<b>0,086</b>
365	0,914	<b>0,086</b>	0,913	<b>0,067</b>	0,020	0,911	<b>0,000</b>	0,020	<b>0,069</b>	<b>0,069</b>
379	0,919	<b>0,081</b>	0,910	<b>0,063</b>	0,027	0,906	<b>0,002</b>	0,029	<b>0,064</b>	<b>0,065</b>

*Примечание:* вид, порода: *B.i.* – *Bos indicus*, *B.t.* – *Bos Taurus*, *BLWT* – черно-пестрая, *HLST* – голштинская; \*бык; животные показаны по убыванию членства в кластере *Bos indicus* при  $k=2$ .

Проведенные нами исследования экспериментальной популяции кроссбредного крупного рогатого скота ГБС РАН с использованием полногеномного набора SNP-маркеров показали общность ее генетического происхождения с генофондной популяцией черно-пестрого крупного рогатого скота при формировании собственной генетической структуры, отличающейся как от черно-пестрого, так и от голштинского скота. Несмотря на существенное участие европейского скота в формировании современного аллелофонда исследуемой популяции, в исследуемой выборке присутствуют животные, сохранившие зебу-специфические геномные компоненты, которые должны стать приоритетным объектом для сохранения. Вместе с тем сохранение в экспериментальной популяции аутентичных компонентов черно-пестрого скота позволяет рассматривать ее как значимый национальный генетический ресурс, требующий дальнейшего сохранения как резерва изменчивости. Необходима разработка сбалансированных программ разведения, основанных на вовлечении в дальнейшее воспроизводство животных, несущих геномные компоненты как черно-пестрого, так и зебувидного скота, и направленных на повышение их племенной ценности по основным хозяйственно-полезным признакам.

*Исследования выполнены в рамках реализации программы развития национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных по соглашению с Минобрнауки России от 27 февраля 2025 г. № 075-02-2025-1585*

## Литература

1. Глазко В.И., Боронецкая О.И., Эркенов Т.А., Кахович Б.В., Глазко Т.Т. Генетические взаимосвязи между *Bos taurus* и *Bos indicus* : (обзор) // Генетика и разведение животных. 2019. № 3. С. 48 – 57. URL: <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2019-3-48-57>.
2. Hansen P.J. Physiological and cellular adaptations of zebu cattle to thermal stress // Anim. Reprod. Sci. 82 – 83 (2004). pp. 349 – 360. doi: 10.1016/j.anireprosci.2004.04.011.
3. Rodrigues Souza R.T. de, Chizzotti M.L., Vital C.E. et al. Differences in Beef Quality between Angus (*Bos taurus taurus*) and Nellore (*Bos taurus indicus*) cattle through a proteomic and phosphoproteomic approach // PLoS ONE. 2017. 12. Article e0170294. doi: 10.1371/journal.pone.0170294.
4. Moura G.A.B., de Melo Costa C.C., Fonsêca V.F.C. et al. Are crossbred cattle (F1, *Bos indicus* x *Bos taurus*) thermally different to the purebred *Bos indicus* cattle under moderate conditions? // Livest Sci. 2021. 246: 104457. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104457.
5. Упелниек В.П., Завгородний С.В., Махнова Е.Н., Сенатор С.А. История происхождения и перспективы распространения зебувидного типа черно-пестрой породы крупного рогатого скота : (обзор) // Достижения науки и техники АПК. 2020. Т. 34. № 11. С. 66 – 72. doi: 10.24411/0235-2451-2020-11211.
6. Амерханов Х.А., Соловьева О.И., Морозова Н.И. и др. Оценка экономического эффекта использования в молочном скотоводстве животных черно-пестрой породы с кровностью зебу // Изв. ТСХА. 2020. Вып. 2. С. 116 – 133. doi: 10.26897/0021-342X-2020-2-116-135.
7. Родригез К.С. Характеристика генетической структуры у животных гибридного стада по полиморфным системам белков крови и молока: дис. на соиск. уч. степ. канд. биол. наук. М., 2009. 105 с.
8. Бекетов С.В., Свищева Г.Р., Упелниек В.П. и др. Сравнительный микросателлитный анализ зебувидного скота с породами *Bos taurus* // Генетика. 2024. Т. 60. № 3. С. 68 – 75.
9. Steemers F.J., Gunderson K.L. Whole genome genotyping technologies on the BeadArray™ platform // Biotechnol. J. 2007. V. 2. P. 41 – 49.

10. Зиновьева Н.А., Доцев А.В., Сермягин А.А. и др. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры пяти российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP // С.-х. биология. 2016. Т. 51. № 6. С. 788–800. doi: 10.15389/agrobiology.2016.6.788rus.
11. McTavish E.J., Decker J.E., Schnabel R.D., Taylor J.F., Hillis D.M. New World cattle show ancestry from multiple independent domestication events // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2013. V. 110 (15). E1398 – E1406. doi:10.1073/pnas.1303367110.
12. Decker J.E., McKay S.D., Rolf M.M. et al. Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle (G McVean, Ed.) // PLoS Genet. 2014. V. 10. e1004254. doi:10.1371/journal.pgen.1004254.
13. Абдельманова А.С., Харзинова В.Р., Форнара М.С. и др. Оценка генетических взаимосвязей пород крупного рогатого скота черно-пестрого корня с предковыми популяциями на основе полногеномного SNP-генотипирования современных и музейных образцов // С.-х. биология. 2024. Т. 59. № 4. С. 605 – 619.
14. Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Gladyr E.A. et al. Whole-genome SNP analysis elucidates the genetic structure of Russian cattle and its relationship with Eurasian taurine breeds // Genetics, Selection, Evolution. 2018. 50: 37. doi: 10.1186/s12711-018-0408-8.
15. Zinovieva N.A., Dotsev A.V., Sermyagin A.A. et al. Selection signatures in two oldest Russian native cattle breeds revealed using high-density single nucleotide polymorphism analysis // PLoS One. 2020. 15 (11): e0242200. doi: 10.1371/journal.pone.0242200.
16. Yurchenko A., Yudin N., Aitnazarov R. et al. Genome-wide genotyping uncovers genetic profiles and history of the Russian cattle breeds // Heredity (Edinb). 2018. 120: 125 – 137. doi: 10.1038/s41437-017-0024-3.
17. Абдельманова А.С., Доцев А.В., Сермягин А.А. и др. Полногеномные исследования структуры популяций российских локальных пород черно-пестрого корня // Генетика. 2022. Т. 58. № 7. С. 787 – 797. doi: 10.31857/S0016675822070025.
18. Nayee N., Sahana G., Gajjar S. et al. Suitability of existing commercial single nucleotide polymorphism chips for genomic studies in Bos indicus cattle breeds and their Bos taurus crosses // J. Anim. Breed Genet. 2018. Oct. 135 (6): 432 – 441. doi: 10.1111/jbg.12356.
19. Volkandari S.D., Rahmawati I., Cahyadi M. et al. Admixture study of Ongole grade cattle based on genome-wide SNP data // IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci. 2021. 762 012047. Doi: 10.1088/1755-1315/762/1/012047.
20. Hartati, Putra W.P.B. Genome-Wide Association Study for Body Weight and Carcass Weight in Sumba Ongole Bulls (Bos indicus) // Tropical Animal Science Journal. 2023. 46 (4). 389 – 395. URL: <https://doi.org/10.5398/tasj.2023.46.4.389/>.
21. Dixit S.P., Bhatia A.K., Ganguly I. et al. Genome analyses revealed genetic admixture and selection signatures in Bos indicus // Sci Rep 11. Article 21924. 2021. URL: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-01144-2>.
22. Al Kalaldehy M., Swaminathan M., Podtar V. et al. Detection of genomic regions that differentiate Bos indicus from Bos taurus ancestral breeds for milk yield in Indian crossbred cows // Front Genet. 2023. Jan. 9:13:1082802. doi: 10.3389/fgene.2022.1082802.
23. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses // Am. J. Hum. Genet. 2007. V. 81. № 3. P. 559 – 575. doi: 10.1086/519795.
24. Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals // Genetics. 1978. № 89. P. 583 – 590ю
25. Weir B.S., Cockerham C.C. Estimating F-Statistics for the analysis of population structure // Evolution. 1984. V. 38. № 6. P. 1358 – 1370.
26. Kalinowski S.T. Counting alleles with rarefaction: Private alleles and hierarchical sampling designs // Conserv. Genet. 2004. № 5. P. 539 – 543. doi:10.1023/B:COGE.0000041021.91777.1a.
27. Keenan K., McGinnity P., Cross T.F., Crozier W.W., Prodöhl P.A. diveRsity: An R package for the estimation of population genetics parameters and their associated errors // Methods in Ecology and Evolution. 2013. V. 4. № 8. P. 782 – 788. doi: 10.1111/2041-210X.12067.
28. Wickham H. ggplot2: elegant graphics for data analysis. New York: Springer. 2009. P. 268.
29. Huson D.H., Bryant D. Application of phylogenetic networks in evolutionary studie // Mol. Biol. Evol. 2006. V. 23. № 2. P. 254 – 267. doi: 10.1093/molbev/msj030.
30. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals // Genome Res. 2009. № 19. P. 1655 – 1664. doi: 10.1101/gr.094052.109.
31. Milanese M., Capomaccio S., Vajana E. et al. BITE: an R package for biodiversity analyses // bioRxiv. 2017. doi: 10.1101/181610.
32. Ogunbawo A.R., Mulim H.A., Campos G.S. et al. Tailoring Genomic Selection for Bos taurus indicus: A Comprehensive Review of SNP Arrays and Reference Genomes // Genes. 2024. 15 (12): 1495. URL: <https://doi.org/10.3390/genes15121495>.

УДК 637.12.04/.07:636.3

## Состояние молочного овцеводства в России и за рубежом

Марзанов Н.С.

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Московская обл., Россия

**Аннотация.** Обзор посвящен состоянию молочного овцеводства в России и за рубежом. Во введении отмечается тревога о том, что овца со временем может стать животным «зеленых» в силу высокой распаханности и сужения земель под пастбища. Поэтому нужны новые технологии в защиту одного из первых одомашненных видов животных. Рачительного его использования в хозяйственной деятельности человека. Один из путей выхода из создавшего положения является развитие молочного овцеводства.

Материалы и методика исследований. Материалом для исследований послужили работы, собранные из ряда российских источников, а также 5 международных издательских платформ (E-Library, Wiley, Elsevier, ResearchGate, NCBI, FAO). Всего было проанализировано 253 источника по заданной тематике. Из них отобрано для статьи 81 работа. Анализ молочной продуктивности и измерения в одних источниках подавались в кг, а в других – литрах, поэтому имеющиеся цифры приводили в соответствие через коэффициент 0,97 (1 кг=0,97 л).

Результаты исследований. Раздел структурирован и представлен материалами по историческим аспектам, современному состоянию изученности молока, его особенностям. Показано, что в 78 странах мира ведется статистика по количеству надаиваемого молока. Из них показано 10 стран, где получают больше молочной продукции. Дан глубокий анализ количеству и качеству молока в сравнительном аспекте, излагается происхождение слова брынза. В мире из молока изготавливается около 1000 сортов сыра. Особое внимание обращается на характеристики 12 известных молочных пород овец. Отмечается, что каждая из них прошла свой эволюционный и селекционный путь становления. Приводятся морфогенетические особенности, на которые следует обращать внимание при разведении уникальных животных. В России мало статистики по зарождающейся отрасли, предстоит большая организационная работа на государственном и хозяйственном уровне по подготовке кадров, эффективном использовании завозимых пород, для создания своих популяций, кормовой базы и адаптированных технологий. За исключением пород авасси, ассаф, все остальные созданы в Европе и Северной Америке. Есть биозапас по привлечению новых пород для производства овечьего молока. К ним относятся исландская, финский ландрас, романовская породы овец, многоплодие которых позволит давать больше молока, чем представители других пород.

**Ключевые слова:** овцы, породы, молоко, сыры, генетическое разнообразие.

**Для цитирования:** Марзанов Н.С. Состояние молочного овцеводства в России и за рубежом // Успехи наук о животных. 2025. № 3. С. 16—40. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.002

## The state of dairy sheep farming in Russia and abroad

N.S. Marzanov

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry  
Moscow Region, Russia

**Abstract.** Abstract. The review is devoted to the state of dairy sheep breeding in Russia and abroad. The introduction notes the concern that the sheep may eventually become a "green" animal, due to the high ploughing and narrowing of land for pasture. Therefore, new technologies are needed to protect one of the first domesticated animal species. Its prudent use in human economic activity. One of the ways out of this situation is the development of dairy sheep farming.

Materials and methodology. The research was based on data collected from a number of Russian sources, as well as 6 international publishing platforms (E-Library, Wiley, Elsevier, ResearchGate, NCBI, FAO). A total of 253 sources on a given topic were analyzed. Of these, 81 works from Russian and foreign publications were selected for the article. Since in the analysis of milk productivity, measurements in some sources were given in kg, and in others in liters, the available figures were adjusted by a factor of 0.97 (1 kg=0.97l).

Results. The section is structured and presents materials on historical aspects, the current state of milk research, and its features. It is shown that statistics on the amount of milk produced are kept in 78 countries of the world. Of these, 10 countries have received more milk for processing. An in-depth analysis of the quantity and quality of milk in a comparative aspect is given, the origin of the word «brynza» is described. In the world, about 1,000 varieties of cheese are made from milk. Special attention is paid to the characteristics of 12 known dairy sheep breeds. It is noted that each of them has gone through its own evolutionary and breeding path of formation. Morphogenetic features are given, which should be paid attention to when breeding unique animals. There are few statistics on the emerging industry in Russia, and there is a lot of organizational work to be done at the state and economic levels to train personnel, effectively use imported breeds to create their own populations, feed stocks, and adapted technologies. With the exception of the Avassi and Assaf breeds, all the others are bred in Europe. There is a bio-reserve for attracting new breeds for the production of sheep's milk. These include the Icelandic, Finnish Landrace, and Romanov sheep breeds. Due to their multiple births, these sheep can produce more milk than representatives of other breeds.

**Keywords:** sheep, breeds, milk, cheeses, genetic diversity.

**For citation:** Marzanov NS. The state of dairy sheep farming in Russia and abroad. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 3: 16—40. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.002

**О**вца является одним из самых ранних видов одомашненных сельскохозяйственных животных. Естественный отбор и domestикация сформировали современные популяции овец в обширные фенотипически разнообразные породы. Овца прошла путь эволюции и одомашнивания в течение 10500, а по другим источникам 12000 лет [1-4]. По данным ФАО, на 2022 год в мире насчитывалось 2300 пород овец, из них на Россию приходилось 46 тонкорунных, полутонкорунных, полугрубошерстных и грубошерстных пород и поголовьем овец занимала 23 место. Среди этого многообразия овцы с высокой молочной продуктивностью имеют наименьшую численность, чем мясные, и, тем более, шерстные породы. Породы молочных овец традиционно разводятся в Южной Европе (Франция, Италия, Испания, Греция), Центральной Европе (Венгрия, Болгария, Чехия и Словакия), Восточной Европе (Молдова, Румыния и Украина), а также в странах Ближнего Востока, таких как Турция и Иран [5-7].

По современным представлениям популяционной генетики в области овцеводства, специализация при направленном отборе одних признаков и свойств неизбежно приводит к ослаблению и ухудшению других [8]. Одна из причин такой своеобразной «платы за селекцию» состоит в том, что условия обитания овец становятся более напряженными из-за высокой распаханности земель, а генетическое разнообразие популяций в результате искусственного отбора постоянно уменьшается. Есть даже опасение, что овца в будущем может стать первым животным зеленым. В связи с этим рациональное использование породных ресурсов в овцеводстве приобретает особое значение для сохранения биологического разнообразия. Рачительное его использование в селекционно-племенной работе, а также привнесение технологических новинок в отрасль позволит расширить традиционно получаемую продукцию в животноводстве. Одним из таких путей является становление и развитие молочного овцеводства в России и других странах мира.

**Цель исследований.** Изучить состояние молочного овцеводства в России и за рубежом.

**Материалы и методика исследований.** Материалом для проведения исследования являлись базы данных научной электронной библиотеки E-Library, полнотекстовые статьи из издательств Wiley, Elsevier, ResearGate, а также материалы, представленные на сайте Всемирной продовольственной и сельскохозяйственной организации (ФАО) (<https://www.fao.org/home/en/>). Поскольку при анализе молочной продуктивности, измерения в одних источниках подавались в кг, а в других – в литрах, имеющиеся цифры приводили в соответствие через коэффициент 0,97 (1 кг=0,97 л).

**Исторические аспекты молочного овцеводства.** Считается, что систематическое разведение молочных пород овец началось в 60-х годах 20-го века [9]. Овцематки дают молоко в течение 220, а некоторые 260 и более дней после отъема ягнят. Наиболее эффективная схема селекции молочных овец основана на пирамидальном управлении поголовьем, когда на вершине находятся заводчики, а селекционная работа, официальный учет молока, искусственное осеменение, естественное спаривание и оценка племенной ценности используются для достижения генетического прогресса.

В 2013 году мелкий рогатый скот в молочном производстве составлял незначительную долю в общем объеме сельскохозяйственной продукции во Франции, Италии и Испании (от 0,9 до 1,8%) и более значительную часть в Греции (8,8%) [10]. В этих европейских странах молочное овцеводство основано на местных, или синтетических породах, в полунтенсивных или интенсивных системах выращивания. Существует другой апробированный способ получения молочных овец путем создания синтетических популяций, направленным скрещиванием пород (лакон x остфризская). Поскольку обе породы относятся к высокомольным животным, для сохранения продуктивности и

устойчивости к условиям внешней среды их потомство, например, в Великобритании перекрывают ллейнами.

В каждой стране молочное овцеводство сосредоточено в нескольких регионах со своей спецификой содержания. С развитием молочного овцеводства и появлением продуктов из молока оно стало частью европейского животноводства [11, 12]. В большинстве стран Европейского союза средний размер молочных овцеводческих стад варьирует от 140 до 333 овец на одной ферме. При этом средний удой от одной овцематки молочной породы колеблется в пределах (от 165 до 485 кг (от 160 до 471 л). Таким образом, данные результаты и расчеты показывают значительные возможности для повышения удоя получаемого овечьего молока [13].

В условиях рыночной экономики в Российской Федерации ввиду отсутствия государственной поддержки численность поголовья овец значительно сократилась. По причине низких цен на шерсть, овчину, овцеводческая отрасль стала нерентабельной. Однако овца является универсальным животным и может конкурировать с любым одомашненным видом. От нее получают мясо, шерсть, молоко и сало, каракульча идет на изготовление шапок, воротников, шкуры взрослых овец – на шубные и другие бытовые изделия.

В последние годы ареал разведения овец молочных пород расширяется в России. Завезен довольно большой массив молочных пород, оборудования для доения овец, созданы хозяйства, где получают молочную продукцию. Во многих странах Европы, Ближнего и Дальнего Востока, а также Африканского и Американского континентов, молочное овцеводство имеет свою историю становления. Традиционно в странах, где развито молочное овцеводство, производится довольно много овечьего молока. Только в 2023 году в мире было получено 10,010,918 млн. т, причем объем его из года в год увеличивается. Известно 78 стран, где официально ведется учет производимого овечьего молока. В десятку стран мира с наибольшим производством овечьего молока входят: Китай – 1,303,729 млн т; Греция – 943,970 тыс. т; Турция – 933,576 тыс. т; Сирия – 741,976 тыс. т; Алжир – 554,786 тыс. т; Испания – 529,900 тыс. т; Италия – 471,290 тыс. т; Румыния – 448,400 тыс. т; Судан – 405,623 тыс. т; Иран – 382,968 тыс. т. Большое количество молока, исходя из величины страны, производится в Люксембурге – 70 тыс. т. Растут надои и в России, о чем свидетельствует увеличение производства овечьего молока в период с 2005 по 2016 гг. в 6,9 раза: с 0,81 до 6,5 тыс. т. По данным ФАО в 2018 году, общий объем произведённого овечьего молока в России уже составлял 573,7 т, что показывает наличие потенциала в стране [14, 15].

Конечно, для такой огромной страны, как Россия, данный показатель производства овечьего молока считается низким. Причиной является то, что в большинстве регионов овец не доят. Считается, получение высоких настригов шерсти несовместимо с получением овечьего молока. Поэтому молоко овец, особенно тонкорунных и полутонкорунных пород, должно использоваться исключительно на выкармливание ягнят и наращивание шерстной продуктивности. Однако опыт многих стран мира свидетельствует о том, что не только грубошерстные, но и овцы других направлений продуктивности обеспечивают хорошую сохранность и быстрый рост ягнят, при этом дают значительное количество товарного молока и шерсти [16-18].

В нашей стране низкие надои товарного овечьего молока не стимулировали селекцию овец на повышение их молочной продуктивности. В этом причина невысокой молочной продуктивности большинства российских пород овец, а также потеря традиций во многих регионах, сокращение овцепоголовья. В ряде стран Европы, где овец традиционно не доили, в настоящее время идёт рост поголовья молочных овец. По состоянию на 2022 год, Испания является крупнейшим производителем сыра, поставляя 74

950 тонн, что составляет 14,21% от общего объема мирового производства. Италия занимает второе место, производя 74 100 тонн, что составляет 14,05% мирового производства. К другим крупным производителям относятся Китай, Франция и Сирия, объемы производства которых составляют 66 924, 64 580 и 58 539 тонн соответственно. В общей сложности в 2022 году мировое производство сыра из овечьего молока достигло примерно 527 528 тонн. Некоторые переработчики молока также расширяют ассортимент по производству сыров, смешивая овечье с коровьим или козьим молоком. Тем самым переработчики получают специальные сорта сыров с особыми вкусовыми характеристиками. С другой стороны, отмечаем, такое становление обусловлено резким ростом затрат на содержание молочных коров и экономичностью производства овечьего молока. Рынок овечьего молока составил 3,45 миллиарда долларов США в 2024 году и прогнозируется до 6,75 миллиарда долларов США к 2033 году [19].

Во многих странах овечье молоко является основным продуктом. На долю молочных продуктов, получаемых от овец и коз, приходится 20,8% с учетом всех стран. В тоже время общий объем производимого молока от овец и коз в мире составляет 1,3% и 1,9%, соответственно [20]. Конкретно по странам, где есть традиции по доению овец, цифры выглядят следующим образом: в Сирии доля молока овец относительно данных от других видов животных составляет 47,6%; Ираке – 39,6%; Ливии и Иордании – 38,6%; Афганистане – 33,3%; Греции – 32,8%; Албании – 20%. Большой объем производства овечьего молока объясняется его ценными питательными свойствами. В своем составе овечье молоко содержит более 100 питательных веществ, наибольший удельный вес среди которых занимают жир, белок, молочный сахар и минеральные вещества. По содержанию общего сухого вещества, жира и белка овечье молоко значительно превосходит коровье. Овечье молоко является источником молочного белка, который способствует получению высокобелковых продуктов, в частности, сыров. Благодаря высокому содержанию белка оно подходит для приготовления йогуртов, мороженого и сыра. Преимущественное использование овечьего молока в сыроварении обусловлено его уникальными свойствами. Кислотность свежего овечьего молока – 24-27°Т, что на 6-10°Т выше по сравнению с коровьим. Овечье молоко обладает повышенной буферностью, поэтому свертывается при более высокой кислотности (120-140°Т), чем коровье (60-70°Т). Оно также значительно медленнее свертывается при воздействии сычужного фермента (на 30-50%), поэтому получаемый сгусток менее эластичен, что отражается на формировании физических качеств творога и сыра. Овечье молоко обладает устойчивостью к воздействию низких температур. Если подвергнуть молоко глубокому замораживанию, то при оттаивании оно не изменяет вкуса и сохраняет свои свойства, что можно с успехом использовать для обеспечения сыроваренной промышленности сырьем в течение всего года [15].

Молоко овец является весьма концентрированным продуктом. Калорийность овечьего молока выше, чем у коровьего и козьего. В 100 г овечьего молока содержится 108-130 ккал в зависимости от жирности. Для сравнения, если взять за основу 108 ккал в овечьем молоке, то в 100 г козьего молока 68 ккал, а в коровьем – 65 ккал, что в 1,6 и 1,7 раза больше соответственно. По химическому составу овечье молоко существенно превосходит коровье. В нем содержится сухих веществ в 1,4 раза, жира и белка – в 1,8 раза больше, чем в коровьем, а калорийность выше в 1,5 раза. Характерной особенностью овечьего молока является размер жировых шариков. Средний их размер составляет 5-7 мкм и является преобладающим – 38%. Однако встречаются и другие величины, так до 3 мкм – 17%; 3-5 мкм – 27%; от 7 и более – 18%. Это дает возможность производства высокожирных продуктов на основе овечьего молока, таких как масло, сливки, мороженное и т.д. Жировые шарики, из которых состоит молочный жир, у овец намного больше, чем у коров. Так, в 1 мм<sup>3</sup> овечьего молока находится около 6 млрд. жировых шариков, в коровьем – 4 млрд., что

превосходит на 33%. Значительно лучшее соотношение имеет овечье молоко по удельному весу незаменимых и заменимых аминокислот, гораздо больше в нем казеина (4,5%) по сравнению с коровьим (2-3,7%). Точка плавления молочного жира у овец – 35,5-36,0°C, температура затвердевания – 24,5-25,0°C, йодное число 25-38 [17, 15].

В овечьем молоке достаточно высоким является содержание физиологически важных незаменимых жирных кислот, таких как линолевая, линоленовая и арахидоновая. Кроме того, в нем содержится конъюгированная линолевая кислота (conjugated linoleic acid, CLA), которая мало изучена и по данным ряда источников имеет потенциал для получения из нее продуктов функциональной направленности. Из доступных источников известно, что эта кислота обладает рядом функциональных свойств: антибактериальных, иммуномодулирующих, антидиабетических, противовоспалительных и антиканцерогенных. Считается, что главным образом она содержится в мясных и молочных продуктах, полученных от жвачных животных, что обуславливает особую значимость в проведении данных исследований [21-23].

В молочном жире содержится больше ненасыщенных жирных кислот – каприловой, каприновой, что придает парному молоку овец специфический вкус и запах. Белок овечьего молока переваривается в организме человека на 99,1%, а коровьего только на 91,7%. Он содержит все незаменимые аминокислоты (29 г в 1 кг молока) и более полноценен, чем белки молока других сельскохозяйственных животных. К тому же в овечьем молоке содержится повышенное количество казеина, в конце лактации – до 6,17%. Соотношение  $\alpha$ -и  $\beta$ -казеина 40:39, т.е. их практически одинаковое количество [24, 15, 25].

Овечье молоко богато и минеральными веществами: кальцием (235 мг%), фосфором (144 мг%) (кальций-фосфорное отношение 1,63:1), железом (3,2-5,85 мг%), медью (0,11-0,27 мг%), цинком (1,8-2,74 мг%), марганцем (0,23-0,45 мг%) и другими микроэлементами. В овечьем молоке имеются фосфатиды – лецитин и кефалин, которые придают стойкость эмульсии и затрудняют образование масла. Состав и свойства молока зависят от кормления, периода лактации, возраста, индивидуальных особенностей животного, кратности и времени доения. Молоко овец первых дней после родов (молозиво) имеет желтый цвет и тягучую консистенцию. Молозиво – незаменимая пища новорожденных, помогающая активизировать иммунную систему в борьбе с болезнетворными микробами с первых часов их жизни. Молозиво отличается от молока значительно большим содержанием белка и жира. В молозиве содержатся иммунные антитела, ферменты, витамины, лизоцим. Витаминов А и С в молозиве в 10 раз больше, чем в молоке. Высокое содержание сывороточного белка лактоферрина по сравнению с молоком других сельскохозяйственных животных, обладающего бактерицидными и иммуномодулирующими свойствами, позволяет использовать овечье молоко в качестве сырья в целях получения доступного целевого соединения для фармацевтического производства, продуктов детского питания и создания функциональных продуктов на его основе. В овечьем молоке высоким является содержание углеводов (около 5,1%) и представлено лактозой, способствующей развитию полезных микроорганизмов в желудочно-кишечном тракте человека [15, 26].

Особого внимания заслуживают физиологические аспекты содержания соматических клеток в молоке у мелких жвачных животных [27-29]. Соматические клетки являются важным компонентом, которые содержатся в молоке и специалистами используются в качестве показателя качества молока и здоровья вымени у жвачных животных. Они представлены следующими клетками: нейтрофилами, макрофагами, лимфоцитами и клетками эпителия вымени, а также их фрагментами и частицами цитоплазмы/везикулами. Нейтрофилы, макрофаги, лимфоциты представляют собой вид клеток иммунной системы, которые борются с патогенными микроорганизмами:

бактериями, грибами, простейшими. Нейтрофилы (40-80%) составляют основной тип клеток в молоке здоровых коз, тогда как макрофаги (45-88%) являются основой среди клеточной популяции в овечьем молоке. Кроме того, в овечьем молоке присутствуют 10-35% нейтрофилов, 10-17% лимфоцитов, и 2-3% эпителиальных клеток. Молочные овцы и козы обладают апокринной секреторной системой, которая продуцирует в молоко цитоплазматические частицы/везикулы и большое количество фрагментов отживших клеток. Вот почему молоко является продуктом двух явлений ассимиляции и диссимиляции. На уровень соматических клеток в молоке влияют различные факторы, такие как отара и порода овец, окружающая среда, фракция молока, стадия лактации, число беременностей, тип родов, система доения, сезон доения, частота доения овец в день, количество надаиваемого молока, период между лактациями, тип рождения овцематок и количество ягнят-отъемышей. Количество соматических клеток в овечьем молоке является полезным методом оценки состояния молочных желез. При цитологическом исследовании молока следует учитывать зоогигиенические показатели в овчарне. До и после доения обязательным является обработка вымени у овец. Особенно важным является уход за сосками вымени, из-за риска заболевания маститом. Известно, что сосковый канал остается открытым некоторое время после доения. Очень хорошо это показано у молочных коров. У них после доения, сосковый канал открыт в течение 30-60 минут, что требует особого внимания к вымени после получения молока [30].

В мире нет четкости относительно классификации количества соматических клеток в овечьем молоке, поскольку в каждой породе свои пределы. В Европе считается оптимальным показателем от  $200 \times 10^3$  до  $400 \times 10^3$  клеток в 1 мл молока. В США установлены пределы от  $500 \times 10^3$  до  $750 \times 10^3$  клеток/мл для овечьего молока и от  $750 \times 10^3$  до  $1000 \times 10^3$  клеток/мл для козьего молока. Порог соматических клеток в козьем молоке обусловлен высокой концентрацией цитоплазматических частиц/везикул. Эти предварительные результаты показывают важность изучения иммунологии молочной железы и поиска биомаркеров для оценки состояния вымени. Соматические клетки являются показателем состояния вымени или подверженности вымени инфекционным агентам или механическому стрессу, поэтому всегда отклонения в ту или иную сторону должны рассматриваться как предупреждающий знак [3-33].

Начаты поисковые работы по диагностике генов белков молока у овец. Был изучен полиморфизм генов: фактора роста/дифференцировки 9 (GDF9), пролактин (PRL), бета-лактоглобулин (BLG) и его влияние на продуктивные качества овец породы лакон [34]. Позднее был показан полиморфизм у 3-х генов белков молока (пролактин (PRL), бета-лактоглобулин (BLG) и каппа-казеин (CSN3)) у пород овец различной продуктивной направленности: романовской, дагестанской горной, суффолка. В результате исследований был изучен аллелотип у данных пород [35].

Обычно от овцематки надаивают в пределах 1-3 л молока в день. Жители Северного Кавказа, Забайкалья и Средней Азии считают напиток, полученный после дойки овец, эликсиром здоровья. Введение продукта в рацион человека помогает восполнить дефицит жизненно важных элементов. Но лучше не превышать рекомендуемую норму потребления – 150 мл в день. У продукта есть и противопоказания. Его нельзя давать детям до 5 месяцев, поскольку молоко очень жирное и организм ребенка не готов переварить такую пищу.

Молоко, получаемое от различных видов сельскохозяйственных животных, делится на два семейства по бета-казеину: A1 и A2. Исходя из этой классификации, молоко овец относится к A2 бета-казеиновому молоку. К нему же относятся молоко женское, козье, лошадиное, верблюжье, буйволиное. Коровье молоко требует особого внимания, поскольку у молочного скота преобладают мутантные аллели A1 семейства. Исключением является

молоко гернзейской и джерсейской пород крупного рогатого скота, у которых преобладают аллели A2 семейства [36, 37].

Сыр был получен около 8000 лет до нашей эры, примерно в то время, когда были одомашнены овцы. Сыр является одним из самых популярных молочных продуктов, его разновидностей насчитывается не менее 1000, и он производился со времен древнейших цивилизаций Рима, а затем распространился по всему Ближнему Востоку и Европе, а затем в Северную и Южную Америку и Океанию [20]. В настоящее время, многие сорта защищены государственным статусом, где они производятся: греческие (фета, сфела, галатури, катики домоку, копанисти); итальянские (пекорино сарда, пекорино романо, фиоре сардо, канестрато пульезе, рикотта); португальские (серра да эштрела, кастелло бранко, терричо); испанские (манчего, идиасабаль); французский (рокфор); нидерландский (тексель), каш(ч)кавал Болгарии и Венгрии, брынза и урду (Молдова) и многие другие [5, 38, 39]. Известен также широкий ассортимент сыров у ряда кавказских народов: шор, курт, сулгуни, чанах, мотал, арагацкий, ереванский, доролагязский и другие. Благодаря использованию специальных заквасок из овечьего молока изготавливают кисломолочные продукты: творог, простоквашу, каймак, айран, чака, катык и йогурт. Получаемая после сыроделия сыворотка – хорошее сырье для приготовления альбуминного творога (урда), а также кваса и подсырного масла. В основном из овечьего молока изготавливают больше всего сыр-брынзу. Само слово «брынза» или бриндза – слово, заимствованное из румынского языка (brânză – сыр), используется в различных европейских странах благодаря тому, что его принесли мигрировавшие влахи. Слово *brânză* (brînzə, румынское произношение) – это общее название «сыра» в разговорной речи молдавского и румынского языка.

Молочное овцеводство в таких странах, как Греция, Испания, Франция, Португалия занимает не менее 15% в общей структуре производства молока, а в некоторых – доходит до 30% [40]. В ряде стран, в том числе в России, это единственно возможный в горной местности вид серьезного бизнеса. Хотя молочные фермы появились в таких нетрадиционных местах, как Владимирская, Тверская и Московская области, Краснодарский край. Большинство производителей овечьего молока редко выбирают из своих горных районов, что создает немало трудностей переработчикам получаемого продукта. Поэтому в большинстве случаев сами перерабатывают молоко в конечный продукт – это сыр как мягкий, так и твердый, обычно длительной выдержки. Неудивительно, что доля потребления овечьего сыра в Испании, по сравнению с коровьим, доходит до 30% [41].

**Изготовление сыров и другой молочной продукции.** Расчеты проф. А.Н. Ульянова и др. [42] из Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии говорят об увеличении эффективности отрасли овцеводства в 2-4 раза от переработки молока. Следует отметить, в России молочное овцеводство сравнительно новое направление. Селекцией молочных пород овец в стране не занимались – все усилия были направлены на улучшение руна и развитие шерстного направления, хотя доением и переработкой молока овец занимались в Среднем и Нижнем Поволжье, в ряде Республик Северного Кавказа, Бурятии и Тыве. В сталинский период СССР был план по сдаче овечьего молока и брынзы государству в этих и других регионах. В 1930 году в России был даже создан «Брынзотрест» с развёрнутой сетью предприятий по промышленной переработке овечьего молока, что позволило к 1934 году произвести 10200 тонн брынзы и других сортов сыров из овечьего молока. Однако с развитием тонкорунного и полутонкорунного овцеводства это направление в овцеводстве России свернули [43, 17].

Тем не менее, остались островки, где занимаются до сегодняшнего дня доением овец с целью получения овечьего сыра. Наиболее известна Республика Дагестан, где

изготавливаются различные сорта национальных сыров из овечьего молока. Так, в Дагестане кроме сулугуни, чечила изготавливают до 10 местных сортов брынзы. Кстати, помимо сыра на дагестанском рынке всегда продается и свежий творог. «Мягкий сыр» – так дагестанцы называют домашний творог. Следует отметить, набирает оборот молочное овцеводство в других регионах кроме Республики Дагестан. Для этого Россия закупает молочные породы овец из различных стран. Так, овец породы лакон приобретают из Австрии и Франции, остфризскую – из ФРГ, ассаф – из Испании. Всё больше компаний и фермеров из разных регионов Российской Федерации интересуются разведением овец для получения молока и продуктов на его основе. Сдерживающим фактором для развития этого направления являются большие капитальные вложения на начальном этапе: проектирование и строительство ферм, приобретение качественного племенного поголовья овец, доильные залы и оборудование для производства продуктов конечной переработки. Также малому и среднему бизнесу сложнее работать в этой сфере из-за трудностей, связанных с продажей конечных продуктов из овечьего молока. Отчасти мешает этому отсутствие традиций по использованию молочных продуктов овцеводства. В то же время, уже решаются вопросы господдержки, связанные с разведением молочных овец, поскольку животные очень дорогие. Так, овцематка породы лакон стоит 60-65 тыс. рублей, баран – 200 тыс. рублей. Хозяйства заинтересованы, чтобы в России молочное овцеводство стало одним из полноценных направлений животноводства, а порода лакон была включена в племяреестр не только на региональном, но и федеральном уровне [44].

Из 60 и более пород овец и нескольких породных групп, разводимых в СНГ, не существовало пород овец молочного направления продуктивности, в основном были комбинированные. Так, в некоторых регионах России для доения используются овцы мясо-шерстно-молочных пород. К таким породам относятся все горные грубошерстные овцы на Северном Кавказе (дагестанская горная, андийская, лезгинская, карачаевская). Аналогичная ситуация на Южном Кавказе, в этих странах широко используют тушинскую, балбас и др. [45].

Таблица 1. Физико-химический состав молока овец породы лакон, г/100 мл [46]

Показатели	Среднее	Lim	
		min	max
Вода	84,0	80,5	87,0
Сухое вещество	20,0	17,0	23,5
Жир, среднее	8,0	6,5	13,0
2-й месяц лактации	6,7	5,5	8,0
4-й месяц лактации	8,5	7,0	9,5
6-й месяц лактации	9,7	8,0	13,0
Нежировые сухие вещества	12,0	11,4	12,9
Белок	6,2	5,4	7,6
Казеин	4,80	4,30	6,00
Альбумин	0,85	0,70	1,00
Глобулин	0,25	0,20	0,30
Лактоза	4,3	-	-
Минеральные вещества	1,10	1,00	1,20
Зола	0,95	0,85	1,05
Кальций	0,20	0,17	0,24
Фосфор	0,16	0,15	0,17
Точка плавления жира	29°	-	-
Точка затвердения жира	12°	-	-
pH	6,6	-	-

В таблице 1 дана характеристика физико-химического состава молока овец породы лакон. Как видно из таблицы 1, показатели качества молока довольно высокие у данной породы овец.

В некоторых странах СНГ, где развито овцеводство, также применяется доение овец. В Республике Молдова молоко получают от цыгайских овец местной селекции, шерстно-молочного направления продуктивности и созданного нового шерстно-мясо-молочного типа, а также от каракульских овец «чушка» и молдавского каракуля смушково-мясо-молочного типа. Получаемое от овец молоко мало используется в натуральном виде, из него вырабатывают брынзу и альбуминный творог «урда» [6].

На Украине доят овцематок цыгайской, буковинского типа асканийской мясошерстной породы, имеющие наибольшую молочную продуктивность за лактацию. Молочная продуктивность буковинского типа асканийской мясошерстной породы за период нахождения ягнят под матерями составила 91 л молока, за время доения 82 л, за лактацию – 173 л. Среднесуточный надой составил 0,76 л. На 1 кг брынзы затрачивается 3,5-5,0 л молока в зависимости от периода лактации. Из овечьего молока изготавливают больше всего брынзу. Доют овцематок в лесостепной зоне три раза в день (7-13-20 часов), в горах – дважды (7-19 часов) [47].

У пород овец, разводимых на территории СНГ, молочная продуктивность за лактацию в среднем составила от 65 (каракульская) до 250 кг (сокольская). Как видно из таблицы 2, существует большая зависимость молочной продуктивности овец от породной принадлежности. В ней показана молочная продуктивность каждой из 20 пород за лактацию, пределы, а также максимальный уровень возможной продуктивности. Из дальнего зарубежья наиболее известными являются 12 молочных пород овец, характеристику каждой из них приводим также в таблице 2.

**Остфризская порода овец.** Родиной остфризских пород овец является регион Фрисландия, простирающаяся вдоль побережья Северного моря на запад от реки Везер, на северо-востоке Германии вдоль северного побережья, и на юг до реки Шельда на границе Нидерландов и Бельгии. Граница представляет собой окаймление островов, включая Западные «Фризские» острова, принадлежащие Германии, и северные «Фризские» острова, расположенные между Германией и Данией. В этих местах она разводится много столетий, ее иногда называли «коровой для бедных» из-за высокой молочной продуктивности [48, 49].

Остфризская порода происходит от многоплодной старой немецкой маршевой овцы и разводится в чистоте путем отбора на повышение молочности. Происхождение породы связано с болотистыми местами («marsh»-болото), где произрастает вереск, и изначально паслись предки этих овец.

Семейство остфризской породы овец включает остфризских молочных овец из Восточной Фрисландии (ФРГ), голландско-фризских молочных овец из Западной Фрисландии, и на юге – зеландских молочных овец с острова Зеландия (Нидерланды). Немецкая остфризская молочная порода овец является самой известной из фризских пород, обычно в научной литературе ее называют остфризской или восточно-фризской.

Таблица 1. Технологические особенности процесса лиофилизации и характеристики сублимированного семени у разных видов сельскохозяйственных животных при разных методах криоконсервации

Порода овец	Молочная продуктивность за лактацию, кг		Порода овец	Молочная продуктивность за лактацию, кг	
	колебания	максимальная		колебания	максимальная
Асканийская	135-145	235	Романовская	127-142	225
Балбасская	120-130	210	Северокавказская	110-120	190
Грозненская	100-125	145	Тушинская	85- 95	105
Гиссарская	104-122	150	Каракульская	65- 70	80
Цигайская	120-125	275	Лезгинская	85-110	120
Южноказахский меринос	110-143	175	Мазех	100-110	170
Андийская	100-150	180	Волгоградская	100-150	180
Эдильбаевская	150-180	220	Горьковская	130-160	190
Кавказская	100-150	200	Куйбышевская	120-180	230
Сокольская	180-250	300	Сальская	150-180	200
Высокомолочные породы овец					
Остфризская	500-700	1900	Болгарская молочная	160-240	320
Авасси	400-1300	1500	Ассаф	300-450	900
Лакон	600-1000	1237	Хиос	150-400	600
ИНРА 401	200-330	450	Сарда	140-180	200
Британская молочная	250-400	775	Ридо-аркотт	100-200	200
Катадин	210-500	900	Тексель	222-244	244

*Примечание: молочная продуктивность, пределы, максимальные удои взяты из различных источников литературы.*

У остфризской породы оба пола внешне похожи: у них белая шерсть и белые головы, уши и ноги полностью без шерсти, но покрыты кроющим волосом. Наиболее характерным морфологическим признаком является «крысиный хвост», тонкий и без шерсти. Остфризская порода является поставщиком 3-х традиционных продуктов овец: молока, мяса, шерсти. Она считается наиболее молочной породой в мире. Это специализированные животные, они плохо подходят для ферм с большим поголовьем [50]. Животные характеризуются крупным размером, слегка изогнутой носовой линией, голова покрыта кроющим волосом. Уши длинные и наклонены в направлении носа. Грудь развита, глубокая и широкая, с хорошо развитыми ребрами. Спина длинная и широкая, круп слегка свисший. Живая масса овцематок – 65-85 кг и баранов – 75-110 кг. Шерсть однородная: 44-48 качества при длине 12-15 см. Настриг шерсти у овцематок составляет 3-4 кг, у баранов – 5-6 кг. Овцематки отличаются высокой плодовитостью: 2-4 ягненка за один окот, в среднем выход ягнят на 100 овцематок составляет 195 голов. Возраст первой случки – 7-8 месяцев. Животные с ограниченным половым сезоном в среднем приходят в охоту через 17 дней (пределы от 15 до 20 дней). Период плодношения составляет от 149 до 155 дней, однако чаще всего он равняется 152 дням. Период охоты у овцематок длится от 16 до 59 часов. Овцы имеют развитое вымя с твердыми широкими хорошо разделенными долями. Надои за лактацию составляют от 500 до 700 кг (485-679 л) молока, рекорд по породе 1900 кг или 1843 л. Лактация, по одним данным, длится 220-260 дней [51], по другим – 200-300 дней [52].

Известно также, примерно 25% от общего надоя молочной овцы приходится на первые 30 дней лактации [53, 54]. Жирность молока – 2,73-7%, белка – 4-5%, сухого вещества – 18%. Удой молока во многом зависит от генотипа и интенсивности кормления. При кроссах порода дает даже во втором поколении высокую молочность и плодовитость. Также обладает лучшим основанием для кроссов с местными породами овец.

Из исторических фактов известно также, что регион Фрисландия является родиной голштинской породы, которая отличается самыми высокими надоями молока среди 4-х генеалогических корней крупного рогатого скота. Голштинские коровы и остфризские овцы похожи по другим важным признакам. Ни одна из них не приспособлена к жарким условиям среды, но в обоих случаях были получены отличные результаты при скрещивании с адаптированными местными породами. Возможно, остфризская порода овец, подобно голштинской, создавалась на основе небольшой популяции баранов [55].

**Порода овец лакон.** Французская молочно-мясная порода овец. В середине XIX века местные фермеры всерьез занялись селекцией лакон для повышения молочной продуктивности. Уже в XX веке во Франции действовала государственная программа генетического улучшения породы. Современные овцы породы лакон имеют телосложение молочного типа. Вымя объемное, с тонкой эластичной кожей без шерсти. Считается, что лакон – одна из лучших и популярных молочных пород овец в мире, которая отличается от соплеменниц, распространенных в регионах России, тем, что у них короткая шерсть, а ноги, живот и голова вовсе голые. Зато вымя ярко выражено. Оно и оправдано, ведь эти овцы молочного направления.

Лакон является лучшей молочной породой во Франции, а свое название она получила в честь округа Мон-де-Лакон, расположенного на территории подножья горы Лакон на юго-востоке департамента Тарн. Считается, животные появились в этих местах предположительно около 4-6 тысяч лет назад. Формирование породы лакон в качестве молочной сопровождалось поглощением местных пород, среди которых камар, ларзак, кос-де-родез и сегальская. Селекционную работу по совершенствованию молочной продуктивности проводят конфедерация производителей овечьего молока и сыродельной промышленности «Рокфор» и кооператив «Овитест».

Отбивку ягнят проводят в 4-5-недельном возрасте, после чего начинают доить овец. Лакон как одна из самых продуктивных молочных овец в мире идеально подходит для интенсивной молочной промышленности, вымя хорошо адаптировано к машинному доению. Удои были значительно улучшены путем жесткой селекционной работой, направленной на увеличение молочности, начиная с 1870 года. В конце 60-х годов 20 века средний удой молока на овцу составлял всего около 68 кг (66 л) в период доения человеком (без учёта периода выкармливания ягнят) в год. К концу 90-х годов надои молока выросли в четыре раза и достигли 272 кг (264 л) в год. За 167-250 дней лактации овцы производят 600-1000 кг (582-970 л) молока жирностью 7,5-8,0% и белка 5,5-6,0%, в день надои составляет 2-3,6 кг (1,94-3,5 л) молока. Максимальный удой по данной породе составил 1237 кг (1200 л).

Основное назначение овец породы лакон – производство сыра рокфор. Их молоко – единственное, из которого делают данный сыр. Рокфор – это сыр с плесенью, который обычно делают из непастеризованного молока овец данной породы. Полумягкий сыр обычно имеет кремообразную и рассыпчатую текстуру. В 1411 году король Франции Карл VI передал права на изготовление рокфора только одной деревне: Рокфор-сюр-Сультон, сейчас небольшой городок на юге центральной Франции, расположенный примерно в 100 милях к западу от города Авиньон, главного города одноименного округа [56].

У овец породы лакон окрас белый. Рост в холке у баранов – 75-85 см, у овец – 70 см. Овцы от среднего до крупных размеров, вес взрослых баранов – 90-100 кг, овцематок – 70-75 кг. Голова довольно длинная и узкая с прямым или слегка римским профилем, как и затылок, покрыта кроющим волосом, хвост длинный, тощий. Порода комолая, редко у баранов бывают зачатки рогов длиной до 2 см. Убойный выход туши – 45-50%. Мясо взрослых овец невкусное, если используют мясо-баранину, поэтому французы предпочитают ягнятину.

В среднем на 100 овцематок породы лакон деловой выход молодняка составляет 131 ягненок. Период вынашивания плода равен в среднем 145 дням. Чаще всего в одном помете не более 2-х ягнят. Интервал между окотами 365 дней. Плодовитость 165-170%. Овцы породы лакон – скороспелые, при рождении баранчики весят 1,7-3,5 кг, ярочки – 1,5-3,2 кг, т.е. отмечается четкий половой диморфизм. Среднесуточный прирост живой массы свыше 300 граммов в сутки, что обеспечивает им достижения живой массы более 80% от взрослых животных к 7-10 мес. возрасту и уже готовы к спариванию. Ягнят содержат под матерями в течение 4-5 недель, а затем их отбивают. К этому времени вес молодых животных достигает 15 килограммов. В рамках повышения молочной продуктивности у овцематок лакон в селекционных программах используют искусственное осеменение, учёт надоев и оценку баранов по качеству потомства. В селекционной работе активно используют результаты геномного анализа. В данный момент программа по генетической аттестации овец расширена: в неё включены такие показатели, как оценка качества вымени, проблемы, связанные со снижением количества соматических клеток в молоке. С начала использования программы по генетическому тестированию животных было получено более 5,2 кг (5 л) молока за лактацию в день. При этом содержание жира увеличилось на 0,19 г/л, а содержание белка – на 0,17 г/л. Благодаря комплексной программе генетика породы лакон изучена лучше, чем у других молочных пород овец в мире [57–59].

Одной из причин успеха французской программы стало значительное снижение стоимости генотипирования и секвенирования генома животных. Эта информация оказалась очень полезной при отборе по морфологическим признакам, а также по другим характеристикам, таким как устойчивость к скрепи. Наследуемость трех изучаемых признаков лактации (удой, содержание жира и количество соматических клеток) варьировала от 0,14 до 0,41. Включение информации по молекулярной генетике, по сравнению с традиционными методами исследований, увеличила точность оценки

племенной ценности молодых баранов при рождении от 18 до 25%, в зависимости от признака. Точность геномных методов наследования варьировала от 0,4 до 0,6, в зависимости от признака и используемых способов исследований [60].

В условиях России, в частности, на молочной ферме в селе Малая Каменка Красноярского района Самарской области в среднем лаконы дают 3-3,5 литра молока в день. Но на ферме есть рекордсменки, чей удой составляет 5 литров. Качественные показатели в овечьем молоке выше, чем в коровьем. Так, белок составлял от 3-х до 5-ти единиц, жир – от 7 до 10 единиц. Выход сыра тоже больше в 2 раза [44].

Овцы породы лакон приспособлены к машинному доению и разводятся активно в ряде стран мира: Испании, Португалии, Италии, Швейцарии, Австрии, Венгрии (Европа), а также в Африке (Тунис), Южной и Северной Америке (Бразилии, США) и др. Общая численность овец лакон составляет более 1 млн голов в мире. Плюсы при разведении овец породы лакон: высокий удой, отличное качество молока, неприхотливость при содержании. Для более эффективного использования часто овец породы лакон используют в виде помесей с остфризами. Порода лакон характеризуется повышенной устойчивостью к заражению паразитами. Однако, как и большинство молочных пород, подвержена маститу. Данное заболевание чаще всего является причиной выбраковки овец. Минусом также являются невозможность использования овец для получения мяса и шерсти в силу своей высокой специализации.

**Овцы породы ИНРА 401 (INRA 401) или романовская (La Romane).** Авторами породы являются сотрудники Национального института генетики Франции Л. Чамитчян, Т. Лефевр, К. Брюнель, Б. Бибе, Г. Рикардо [61]. Порода встречается по всей Франции, и сегодня на 400 фермах насчитывается более 80 000 овец. Работа по созданию породы была начата в 1963 году. Полученные помесные животные (романовская х берришон-дю-шер), отвечающие планируемым показателям, скрещивали опять с баранами романовской породы, которые продолжались в нескольких последовательных поколениях. Таким образом, порода овец ИНРА 401 создана в результате серий направленных экспериментальных скрещиваний двух пород: романовской (отцовская форма) и берришон-дю-шер (материнская форма). Порода была официально утверждена в 1977 году. Первые бараны ИНРА 401 селекционеры начали использовать на племенных фермах с 1980 года. Животные отличались высокой плодовитостью в 190-210%, сильным материнским инстинктом и значительной молочностью от 200 до 330 кг (от 194 л до 320 л) на одну овцематку. В условиях экстенсивной системы разведения овцы INRA 401 относительно восприимчивы к желудочно-кишечным паразитам, но устойчивы к паразитам печени и лёгких. У животных отмечается неблагоприятное воздействие сильной летней жары на активность баранов и плодовитость овцематок.

Живая масса овцематок – 65-70 кг, баранов – 90-100 кг, т.е. четко прослеживается половой диморфизм. Ягнята с отличными выраженными мясными качествами. Среднесуточный привес у одинцов – от 280 г, двоен – 230 г и троен – 220 г. Порода распространена во Франции, Испании, Португалии и некоторых других странах. Схема отбора на племя направлена в основном на улучшение молочной продуктивности овец при сохранении их плодовитости, а также на улучшение мясных качеств – ягнятины. Племенная работа в данном направлении проводится в двух селекционных станциях, расположенных в местечке Ла Сапиниере (La Sapinière) департамента Шер (Cher), в центре Франции, и в деревне Брунелс (Brunels) департамента Од (Od), на юге страны. Первая станция работает с 1989 года, а вторая – с 1999 года. Ежегодно на этих станциях отбирают до 500 баранов, с учетом их родословной. Оценивается качество их семени, проводится генетическая аттестация, а затем активно используется на овцематках с помощью искусственного осеменения. С 1997 года в схему селекции интегрирована программа по борьбе со скрепи у

овец. В настоящее время ни один из баранов, предложенных для воспроизводства, не имеет аллель, чувствительный к этому заболеванию. Считаем, данная идея требует особого внимания в условиях России. Особенно это касается таких представителей закрытых популяций, как овцы романовской породы.

**Овцы породы сарда.** Местная порода овец, созданная в равнинных условиях острова Сардиния (Италия), в честь которого и была названа. В конце 19-го и начале 20-го веков были предприняты попытки по скрещиванию с породами барбареско, джентиле ди апулия, мериносоми, виссана, рамбуие и соправиссана для улучшения породы. Однако эксперименты неизменно оказывали негативное влияние на молочную продуктивность. У овец данной породы длинная грубая шерсть, которая используется для изготовления ковров и других ткацких изделий. Сарда одна из 17 пород автохтонных итальянских овец, в отношении которых Национальная ассоциация овцеводов Италии, основанная в 1928 году, ведет племенную книгу.

Представители породы сарда выглядят следующим образом: овцематки комолые, у баранов могут быть рудименты рогов. Овцы покрыты белой шерстью за исключением головы. Овцы средних размеров, высота в холке у баранов составляет 72 см, а у овцематок – 62 см. Средняя живая масса овцематок – 42 кг, у баранов – 57 кг. У них длинная грубая шерсть, которая используется для изготовления ковров и других шерстяных изделий.

Сарда, наиболее востребованная молочная порода овец в Италии, она производит в среднем 300 000 тонн молока в год только на острове Сардиния. Это количество составляет более 65% от общего объема производства молока в стране и 12% от общего объема европейского производства [62].

Продолжительность лактации у овец породы сарда 165-180 дней. У овец данной породы молочная продуктивность составляла 140-180 кг (136-175 л), отбивку ягнят проводят в 25 дневном возрасте. Содержание жира в молоке – 6,78% и белка – 5,41%. Овец породы сарда в основном используют для производства молока, из которого готовят сыры. Сыр под названием «Пекорино сарда» изготавливается из овечьего молока породы сарда на острове Сардиния. Что касается сыра «Пекорино романо», то он производится из молока овец в основном из Сардинии, а также провинций Лацио и Тоскана.

С 1992 года в связи с возросшим экспортом молочных продуктов в Европейский Союз поголовье овец в стране увеличено до 4073 тыс. голов. Места содержания овец в Сардинии близки к мягким климатическим условиям средиземноморских областей Испании, Греции, Корсики, где фермерские хозяйства в основном крупные и располагают недорогими помещениями и сооружениями. Названия сыров происходит от итальянского слова «ресого», что означает «овца». Оба вида сыра имеют статус национального достояния Италии (рис.1).



**Рисунок 1.** Итальянские сыры, имеющие статус национального достояния Италии: А. Пекорино Сардо [63]; Б. Пекорино Романо [64]

На сегодняшний день сарда самая распространённая и экономически важная порода овец в Италии. Она очень вынослива и способна адаптироваться к различным типам ведения овцеводства. В последние годы селекционная работа с породой была направлена на улучшение формы вымени, чтобы сделать ее пригодным для машинного доения.

**Порода овец хиос.** Греческая порода овец принадлежит к длинножирнохвостым овцам молочно-мясного направления продуктивности. Получила свое название от одноимённого острова Хиос. Как и у многих других, точное происхождение породы хиос неизвестно. Считается, овцы завезены из Аравии. По другой версии, овцы породы хиос произошли от скрещивания местных овец острова Хиос с кивирджикской и дагличской породами из Анатолии. Известно также, что в Греции эти овцы скрещивались с породами овец цакель и караман, затем они попали на остров Хиос, где и были впервые описаны как греческая порода хиос в 1954 году. Бараны имеют длинные спиральные рога, а овцы рогатые или комолые. Окрас шерсти у животных белый с чёрными пятнами на голове, ногах и животе. Вес взрослых баранов составляет 70-80 кг, овцематок – 60-65 кг. Рост в холке у баранов равен 65-82 см, у овцематок – 60-73 см. Вес при рождении молодняка: одиночные ягнята – 4,5-4,8 кг, двойни – 4-4,2 кг, тройни – 3,6-3,8 кг. Вес годовалых баранчиков – 60 кг, ярочек – 55 кг. Плодовитость у породы высокая от 1 до 6 ягнят, в среднем составляет 190-200%. Хвост длинный жирный, шириной у основания 9-12 см и сужающийся к концу (конусовидный). Шерсть короткая полутонкорунная, тониной 31 микрон.

До 50% овцематок хиос могут прийти в охоту после окота. Интервал между окотами составляет 141-156 дней. Овцы данной породы легко адаптируются к конкретным климатическим условиям, однако требуют хорошего содержания и кормления. Порода чувствительна к ветрам, холоду и сырости. Смертность ягнят при рождении составляет 4,5%, до отбивки – 13,5%. Ягнята в возрасте 3-х мес. весят 23-30 кг. Среднесуточный привес ягнят – 185-255 г. Убойный выход – 45-52%, выход мяса в туше – 65%. Половозрелость наступает в 8-9 мес. Эта порода отлично приспособлена к стойловому типу содержания, ей требуется 2-3 часа в день пастбы. Состав рациона обычно представлен следующим образом: 20% грубых кормов и 80% концентратов.

За 120-260 дней лактации овцы дают 150-400 кг (146-388 л) молока, жирностью 4,9-7,85%, белковостью 5,5-5,9%, сухого вещества 16,5-17,2%. Максимальный удой составил 597,4 кг (580 л) за 272-дневную лактацию. Молоко прекрасно подходит для производства различных сортов греческих сыров. Овцы в среднем имеют 6 лактаций. Порода адаптирована под машинное доение. На овечье молоко приходится 35% из всего надаиваемого от различных видов животных. При этом 90% овечьего молока уходит на изготовление 16 сортов сыра и 10% – на йогурты. Изделия производятся под европейскими гарантированными марками, защищенными наименованиями места происхождения, при этом фета является наиболее известным молочным продуктом [65].

**Овцы породы авасси.** Название «Авасси» происходит от древнего арабского племени эль-Авас, которое когда-то жило недалеко от реки Евфрат на севере Сирии. Порода разводится в 30 странах мира. Из 55 локальных пород овец Ближнего Востока она считается самой распространенной. Авасси это курдючная с грубой шерстью порода овец многих стран Ближнего Востока. Выведена народной селекцией, считается одной из очень древних пород, разводимых на Ближнем Востоке. Ей более 5000 лет [66]. Обладает разной продуктивной направленностью, дает качественное молоко, мясо и шерсть. Бараны рогатые, овцы в основном комолые, но 30% овец имеют рога. Хвост средней длины, жирный, S-образной формы. Вес хвоста у баранов 5-12 кг, у овцематок – 4-6 кг. Голова горбоносая, особенно у баранов, уши висячие и длинные.

Окрас шерсти у животных белый с красными или чёрными отметинами на голове и ногах, иногда с разного цвета пятнами на теле. Шерсть грубая, ость длиной 15-25 см, тонина

– 60-90 микрон, подшерсток длиной 8-12 см тониной – 35-45 микрон. С барана настригают невыттой шерсти 2,5-4 кг, с овцематки – 2-3 кг. Рост в холке, у баранов – 68-78 см, овец – 62-70 см. Вес взрослого барана 75-110 кг, а овцематки – 55-75 кг.

Молочность овец за 120-180 дней лактации составляет 97-243 кг (94-236 л) молока жирностью 7-11%. Более высокие надои даёт улучшенная авасси (400-1300 кг или 388-1261 л), при максимальном удое 1500 кг (1455 л). Ещё одним преимуществом авасси является способность к зачатию во время лактации. Авасси выносливы и не требуют особого ухода. Вес ягнят при рождении составляет 3-6 кг, в возрасте 4 месяцев – 25-40 кг, в возрасте 6 месяцев – 32-55 кг, в 12 месяцев баранчики весят 50-70 кг, ярочки – 42-50 кг. Из-за высокой молочности среднесуточный привес у ягнят составляет 200-350 г, хотя плодовитость у авасси невысокая – 100-130% на 100 овцематок. По имеющимся данным, потери в производстве молока при мастите равно 20-37%, что составляет разницу в весе до 4 кг при отъеме по сравнению с опытными ягнятами. Снижение качества молока в результате как клинического, так и субклинического мастита приводит к снижению прироста ягнят на 66 г в день [67; 68]. Одной из самых впечатляющих признаков породы авасси является их способность адаптироваться к широкому диапазону климатических условий и системам ведения хозяйства: от суровых степных регионов до интенсивной эксплуатации.

**Овцы породы ассаф.** С 1955 года ученые Израильской сельскохозяйственной научной организации (Agricultural Research Organization, ARO) начали работу над проектом по увеличению плодовитости и молочной продуктивности у овец авасси. Полученные помесные животные (3/8 остфризов немецкой селекции и 5/8 авасси) дали овец с наилучшим балансом жизнеспособности, молочной продуктивности и репродуктивной способности. В последующем был создан массив животных, получивший свое название ассаф. Многие производители молочных овец в Израиле воспринимают породу ассаф как наилучшую породу по молоку и мясу с хорошим убойным выходом и отличными вкусовыми качествами. Порода хорошо приспособлена к полунинтенсивному и интенсивному методу содержания с мясным и молочным направлением продуктивности [69].

При израильских условиях, когда овцематки имеют приблизительно 3 окота за два года, молочная продуктивность в год составляет 450 кг (437 л). Молочная продуктивность овец при интенсивном содержании составляет 300-450 кг (291-437 л) молока за период лактации с 7,2% жирностью и 5,5% белка. Интерес к этой породе овец увеличивается с каждым годом во всем мире. Эти овцы легко узнаваемы по белому окрасу шерсти, а некоторые особи имеют коричневые ноги и жирные хвосты. Популярность породы ассаф продолжает расти, она распространилась в ряд стран, таких как Португалия и Испания. Овцы ассаф также экспортируются в Чили, Перу и США.

**Болгарская молочная порода овец.** Синтетическая болгарская молочная овца создана с использованием овцематок двух местных пород: плевенская черноголовая и старозагорская. Плевенская черноголовая самая распространенная в стране, аборигенная порода овец, созданная в результате народной селекции. Это самые крупные овцы Болгарии. Живая масса овцематок 50-60 кг, баранов – 80-100 кг. Молочность овцематок за 180-200 дней составляет 150-160 кг (146-155 л). Плодовитость – 150-160%. Старозагорская порода овец также создана народной селекцией. Живая масса баранов 70-80 кг и овцематок – 45-50 кг. Молочность за лактационный период 120-130 кг (116-126 л). Плодовитость составляет 120-125%. Овцематки этих пород скрещивались с баранами остфризской (отцовская форма) и дальнейшим разведением помесей «в себе». Помеси желательного типа скрещивались с баранами пород авасси и лакон. Таким образом, налицо принцип создания молочных пород в Европе и Северной Америки, через создание синтетических популяций овец. Молочность за 180 дней по I лактации составила – 172 кг (167 л), по II лактации – 167 кг (162 л), по III – 196 кг (190 л) и по IV лактации – 240 кг (233 л).

Максимальная молочная продуктивность составляет – 320 кг (310 л). У овец созданной болгарской молочной овцы лактационная кривая снижается к концу лактационного периода в отличие от плевенской черноголовой, у которой снижение молочности наблюдается сразу после отбивки ягнят [70; 71].

**Британская молочная.** Британская молочная овца изначально была известна как альдербрэдская, с учетом фамилии автора породы, Alderbred. Представляет собой породу овец, выведенную Лоуренсом Алдерсоном (Lawrence Alderson) и его супругой Мэри (Mary) в Уилтшире и Нортумберленде на севере Англии. Сейчас породу можно встретить в Великобритании, Венгрии и Канаде. Точный состав пород, участвовавших в создании неизвестен, но в его основу легли высокопродуктивные животные из существующих стад дорсетских, голубомордых лестерских и остфризских овец, которыми владела семья Алдерсонов. Одновременно были использованы особи, отобранные из многоплодных пород ллейн и тексель. Последующая селекция основывалась на показателях продуктивности, без учёта однородности шерсти. По мере продолжения процесса скрещивания постепенно сформировался стандарт породы. В процессе создания породы животные содержались в суровых условиях в верховьях Пеннинских гор на севере Англии, что способствовало развитию у них выносливости и высокой приспособленности к местности. Тестирование потомства на ранних этапах создания породы способствовало их непрерывному генетическому совершенствованию. Изначально все овцематки породы принадлежали семье Алдерсонов, продавали только баранов, но с 1981 года начали реализовывать заводчикам племенной материал ярком. Количество стад животных быстро увеличивалось, к середине 80-х годов прошлого века насчитывалось уже более 5000 племенных овец, сейчас порода широко распространена в Великобритании. В 1986 году была опубликована первая племенная книга по овцам британской молочной породы. Как следует из названия породы, она является молочной, уже создано несколько крупных молочных стад в стране. Тем не менее, порода известна своей плодовитостью, баранов используют для получения еще высокопродуктивных помесей, дающих качественное мясо и шерсть [72].

Во всех странах, кроме Великобритании, британская молочная овца считается породой двойного назначения (мясо и молоко). В большинстве стран она также используется как улучшатель. Так, в Великобритании – для горных и длинношерстных пород, во Франции – для горных пород в Альпах и Пиренеях, в Греции – для молочных овец породы хиос, а в Венгрии – для преобразования популяций мериносов. Во Франции она способствовала созданию булонской породы. Овцематка британской молочной породы может выработать от 250 до 400 кг (от 243 л до 388 л) молока за 210-дневную лактацию при содержании 6% жира и 6% белка. Сравнительные испытания, проведенные Шотландским сельскохозяйственным колледжем в 90-х годах 20 столетия, показали, что помесные овцематки, полученные от баранов британской молочной породы, достигали уровня продуктивности на 11% выше, чем от голубых лестерских и бордер-лейстерских баранов, и на 26% выше, чем от блю-ду-майн и раф-де-ост.

Некоторые чистопородные стада продолжают использоваться для производства молока для потребителей, у которых аллергия на коровье молоко, производителей мороженого и специальных сыров в северной Англии и Канаде. Существует мнение некоторых специалистов, что овцы британской молочной породы за 300-дневную лактацию могут производить от 650 кг до 900 кг (от 631 до 873 л) молока с содержанием жира от 5,5 до 9,5%, однако подобные утверждения требуют дополнительной проверки. В ходе сравнительных испытаний по надоям молока в Венгрии помеси от мериносовых овцематок с надоем 30-50 кг (29-49 л) за лактацию с баранами британской молочной оказались лучше, чем данные с производителями лакон и авасси. Помесные овцематки (британская молочная

х венгерский меринос) давали молоко в пределах 90-130 кг (87-126 л) по сравнению с 60-80 кг (58-78 л) от баранов лакон и 80-105 кг (78-102 л) – от производителей авасси.

Овцы этой породы исключительно плодовиты, являются хорошими матерями и дают в среднем 3 ягненка за приплод. Часто встречаются случаи рождения шестерняшек, а одна овцематка британской молочной породы произвела на свет 44 ягненка за 10 приплодов. Представители британской молочной – это овцы с белой, а иногда с разным цветом кроющего волоса на лицевой части головы, безрогая, с крупным крепким телом, хорошо сложенная. В зрелом возрасте бараны весят в среднем 103 кг, а овцематки – 79 кг. У них хорошая мясная продуктивность. В ходе сравнительных испытаний в Венгрии по производству мяса было установлено, что у помесных ягнят, полученных от британских молочных овец, качество туши и процент выхода мяса был выше, чем у аналогов, полученных от французских, суффолкских и мериносовых баранов, а мясо было самым нежным. Британские молочные овцы, как правило, спокойны, что является отличительной чертой многих молочных пород овец [73].

**Ридо-аркотт, порода овец из Канады.** Одна из немногих местных пород, созданная в стране кленового листа. Ридо (Rideau), фамилия автора породы, довольно широко распространена в Канаде, а Arcott – это аббревиатура от названия Центра исследований животных в Оттаве (Animal Research Centre in Ottawa). Порода ридо-аркотт была выведена в результате селекционной программы, разработанной в 1966 году Центром исследований в области животноводства МСХ Канады. При создании породы были внедрены новые технологии из области количественной генетики, репродуктивной физиологии, питания и содержания, которые позволили авторам отбирать особей с теми характеристиками, которые они хотели видеть в породе [74]. Исследовательская работа была завершена в 1974 году, а в 1988 году порода была передана производству. Целью создания породы ридо-аркотт было выведение овец, способных в раннем возрасте давать многочисленное потомство. Ридо-аркотт – крупная овца с высокой энергией роста. Обычно она имеет шерсть белого цвета, но у некоторых животных ноги слегка окрашены в разные цвета. Лицевая часть белая, без шерсти, но покрыта кроющим волосом, иногда встречаются несколько тёмных пятен на голове. Эта порода от природы комолая, но у некоторых баранов могут появляться роговые наросты. Бараны весят до 100 килограммов, а овцематки – 70-90 кг. Эту породу в основном разводят на мясо, но она также даёт шерсть среднего качества. Ридо-аркотт – многоцелевая порода, известная своими исключительными способностями к ягнению и производству молока. Ридо-аркотт может давать 100-200 кг (97-194 л) молока за период лактации.

Ридо-аркотт порода синтетическая, она представляет собой синтез множества европейских пород. Генетически порода на 40% состоит из финских ландрасов, на 20% – из суффолков, на 14% – из остфризских, на 9% – из шропширских и на 8% – из дорсетхорнов; остальные 9% приходится на бордер-лейстеры, северо-канадские шевиоты, ромни-марши и корридели. Порода ридо-аркотт была выведена для получения овец с высокой плодовитостью и надоем молока, а также ягнят с высокой энергией роста. Ридовские овцематки обладают ярко выраженными материнскими качествами, что делает их популярными при скрещиваниях, поскольку они многоплодные, часто приносят двойни и тройни. Считается, что скрещивание с ридовскими баранами усиливает многоплодие, увеличивая выход ягнят на 180 процентов и более, а у взрослых овцематок 40% двоен и 50% троен. Ягнята могут появляться на свет с интервалом в 8 месяцев, а овцематок можно случать в 7 месяцев.

**Порода овец тексель.** Овцеводство в Нидерландах – одна из важнейших отраслей в аграрном секторе страны. Всего в стране разводится 15 млн овец 14 пород. Из них наибольшее поголовье приходится на текселей и составляет 70%. Тексель принадлежит к

группе беломордых и короткохвостых овец, которых в Нидерландах на 2024 год насчитывается около 640 тыс. голов и содержатся на 15 тыс. фермах. Тексель принадлежит к одной из польдеровских пород, то есть овцам, которые выращены на суше, отвоёванной у моря [5]. Она выведена на острове Тексель, в одном из самых крупных островов Вадденской (Wadden) группы, расположенного вблизи северного побережья Нидерландов. До 1850 года существовал другой тип тексельских овец, которых выращивали не на мясо, а на молоко. Постепенно эта порода стала отбираться для производства мяса, поскольку на острове начали производить баранину для экспорта в Великобританию. В результате традиционное производство сыра, известного как овечий сыр «тексель» (Texelse Schapekaas), на острове прекратилось, хотя он был известен во всей Европе. В 1567 году итальянский путешественник Людовико Гвиччардини (Ludovico Guicciardini) писал, что жители острова Тексель производят сыры, обладающие особенно нежным вкусом, его не сравнить ни с одним другим сыром, даже пармезаном. Позже порода тексель была значительно отселекционирована в сторону мясной продукции в начале прошлого столетия. Селекция проводилась путем прилития крови овец английских лейстеров и линкольнов [51].

Тексельская овца является крупной и достигает высоты в холке около 70 см. Овцематки весят 60-70 кг, а бараны – 80-120 кг. Длина шерсти – 10-12 см, 50-56 качества. Вес руна у баранов – 6 кг, овцематок – 3,5-4 кг. Выход чистого волокна почти 60%. Овцематки способны давать по 2-3 ягненка в год [45].

Овцы породы тексель принадлежат к наилучшим мясным породам в мире. Их туши имеют отличное соотношение мяса и жира, мяса и костей. Ягнят отнимают от матери в возрасте 2,5 мес., средней живой массой 25 кг. В этом возрасте они готовы к забою и мясо является деликатесом. Мраморность, сочность и нежная текстура – вот что отличает такую баранину. Цена на нее может составлять от 500 до 1500 рублей за 1 кг. Убойный выход составляет 55-60%. Выход чистого мяса – 60%, жира – 23%, костей – 17%. Площадь мышечного глазка – 12 см. Им также присуща высокая энергия роста. Считается, что необычная форма тела животных связана с мутацией в локусе миостатина [45].

Как на острове Тексель, так и на материке этих овец издавна доят, но все же они не являются действительно молочными овцами. После Второй мировой войны разведение молочного текселя резко сократилось, а вместе с ним исчез и сыр, история которого насчитывала более пяти столетий. В начале 80-х годов 20-го столетия одна фермерская семья возродила традиции острова. Пит и Ханна Баккер (Piet and Hanna Bakker) возобновили производство, опираясь на воспоминаниях своей тети о том, как когда-то делался этот сыр. Одной из проблем, с которой столкнулись сыровары, была местная порода овец. Тексельские овцы отбирались для производства мяса в течение полутора столетий и не давали много молока. Пит и Ханна Баккеры снова скрестили своих овец с остфризскими баранами с последующим отбором овец на удой. Спустя десять лет они вывели тексель-фризскую породу, которая дала хорошие результаты по молоку. Производство сыра начинают проводить с середины мая до конца сентября (4,5 мес.), пока на пастбищах зеленая трава. Характерной особенностью тексельского сыра является его сухая консистенция, поскольку из творога удаляется практически вся сыворотка [51].

Свежие сыры весят 5-6 кг и выдерживаются не менее шести месяцев. Сыр имеет приятный вкус и обладает стойкими нотками мускуса животных и моря. Насыщенный желтый цвет сыра свидетельствует о богатых пастбищах острова Тексель. До недавнего времени Пит и Ханна Баккеры были единственными фермерами, которые производили овечий сыр «тексель» по традиционному рецепту. После сотрудничества со Slow Food другой производитель Антон Витте (Anton Witte) решил заняться производством сыров из сырого молока. Оба заводчика производят сыр, используя натуральный сычужный фермент и сырое молоко от тексель-фризских овец. Цель обоих – возродить овечий сыр «тексель» и

побудить других фермеров принять стандарты качества по его изготовлению. Благодаря сыру из овечьего молока, наряду с производством баранины, многие фермеры спасаются от разорения, тем самым укрепляя экономику острова. Овцы являются частью тексельского ландшафта пастбищ с живой изгородью. Они играют важную роль в сохранении экосистемы острова, поедая солеустойчивую растительность на суглинистых торфяных лугах острова [76].

Характерным для них является удой (1 л/сутки) в течение 4,5 месяцев после отбивки ягнят при содержании на обильных пастбищах. В тоже время, при скудном кормлении и одноразовом доении они быстро запускаются. Молоко овцематок имеет отличное качество и используется для приготовления тексельского твердого или полутвердого сыра. К недостаткам породы относится трудное ягнение, что требует оказания помощи овцематкам в 75% и короткий период полового сезона – 120 дней. Порода очень предрасположена к такой медленной инфекции, как скрепи. Завезенные в свое время в Республику Молдова тексельская и остфризская породы овец не прижились из-за их изнеженности и высоких требований в кормлении и содержании. Большинство закупленных овец породы тексель после ягнения заболели воспалением легких и скрепи [5].

**Катадин, порода овец из США.** Порода двойного назначения, дающая в среднем 210 кг молока за 210-дневный цикл и мясо. Селекционер-любитель по имени Майкл Пиль (Michael Piel) хотел вывести породу, которая не требовала особого ухода и могла давать молоко и мясо, находясь исключительно на пастбищах с плохим травостоем и сорными растениями. Породу он начал создавать в США в середине 50-х годов 20 века путем скрещивания длиннощехвостых бесшерстных овцематок породы сент-круа, с баранами британских суффолков и уилтширхорнов. В 70-х годах прошлого века благодаря своим экспериментам он создал уникальную породу овец. Была использована единственная английская порода овец, линяющая естественным образом. Однако включение уилтширхорнов в селекционную работу привело к нежелательному присутствию рогов, трудности в обращении с животными и снижению плодовитости. Тем не менее, автор успешно завершил создание породы овец катадин, назвав в честь самой высокой вершины горы в штате Мэн (США). После кончины Майкла Пилля, работа была продолжена: с 1976 года его вдова, Барбара Пил (Barbara Piel) и Чарльз Браун (Charles Brown) предприняли шаги по удалению нежелательных признаков у овец, включая рога и низкую плодовитость. Была проведена большая работа по замене рогатых на комолых животных и улучшению плодовитости. В настоящее время по породному стандарту взрослые животные обычно комолые. В ассоциации заводчиков порода катадин была зарегистрирована в 1985 году. В племенную книгу животные были занесены в 1986 году [77].

Изначально выведенные для получения мяса катадины имели тенденцию к широкому разбросу показателей по молочной продуктивности. Тем не менее, благодаря селекционной работе, направленной на повышение удоев у овцематок, катадинов стало возможным доить один раз в сутки без ущерба для роста и развития ягнят. В США их разводят преимущественно как мясных животных. Овцы катадин уникальны тем, что у них нет шерсти, а только волос. Они естественным образом весной сбрасывают зимний волосяной покров, что делает их менее требовательными к уходу, чем представителей шерстных пород овец. Их не нужно стричь, что очень дорого в современных условиях разведения овец. Сбрасывание волосяного покрова происходит благодаря естественной аллопеции.

При сравнении, среднесуточная выработка молока у овец породы катадин в опыте составила  $1,38 \pm 0,54$  л/сут. У овец породы сент-круа, которая явилась материнской основой при создании катадинов –  $1,26 \pm 0,49$  л/сут ( $p > 0,05$ ). Однако сразу после родов овцы породы катадин вырабатывали больше молозива, чем овцы породы сент-круа ( $p < 0,001$ ). Вес ягненка и его прибавка в весе регистрировались еженедельно. Масса ягнят обеих пород при

рождении была одинаковой, но при отъеме ягнота породы катадин были тяжелее ( $16,46 \pm 0,58$  кг), чем у сент-круа ( $12,90 \pm 0,59$  кг) ( $p < 0,001$ ). Была обнаружена положительная корреляция между суточным надоем молока и приростом массы тела у ягнят обеих пород, причем более четко оно было выражено у молодняка породы катадин, чем у сент-круа. Был сделан вывод, что породы овец сент-круа и катадин давали одинаковое количество молока в период лактации, но у последних живая масса ягнят оказалась более высокой при отъеме от матерей [78].

Живая масса овцематки составляет в среднем около 65 кг, у баранов примерно 95 кг. Выход ягнят составляет около 168%. Живая масса ягненка при рождении в среднем 2,81 кг, к отбивке в 2-х мес. возрасте – 14,9 кг. Окрас шерсти может быть любым, зимой появляется подшерсток, который весной естественным образом линяет. Представители катадинов хорошо переносят жаркую и влажную погоду, устойчивы к заражению к паразитам.

Характерной особенностью данной породы является спокойный нрав. Овцематки породы катадин обладают исключительными материнскими качествами. Матки отличаются высокой плодовитостью, которая составляет при зимнем ягнении 218%, летнем – 177%. В основном ягнение происходит без посторонней помощи, часто рождаются двойни, а иногда тройни и четверни. Рождение одинцов редкость. Катадины используются для скрещивания с шерстными овцами. Требуется не менее 3-х поколений, чтобы получить потомство с линяющей шерстью и другими породными характеристиками в типе катадинов. Мировая популяция катадинов оценивается в 13957 особей, из которых 85% находится в США. В США, кроме штата Мэн, породу разводят во Флориде и Калифорнии, а также в Канаде и 16 странах Карибского бассейна, Центральной и Южной Америки. В 2024 году статус породы катадин был указан в DAD-IS, как «не находящаяся под угрозой исчезновения». Ассоциации по разведению овец породы катадин организованы в Канаде и США. Порода катадин интенсивно исследуется, наряду с другими породами (рамбулье и дорпер), разводимыми в США. Установлен наиболее высокий уровень по Ne показателю, эффективному размеру популяции (effective population size) у катадина, что возможно связано с недавним его созданием. В то же время, данные по количеству гомозиготных гаплотипов (runs of homozygosity – регионы высокой гомозиготности, ROH) было больше у породы рамбулье (50-94%), поскольку является одной из старинных европейских пород, длительно разводимых в ряде стран мира. С помощью геномного анализа установлены участки ДНК, ответственные за молочность, они содержали DCAF16, LCORL и NCAPG гены, которые играют определенную роль, связанную с выработкой молока и особенностями роста животного [79–81].

В **заключении** следует отметить, что у овец существует так называемая группа претендентов на производство молока, куда входят ряд многоплодных пород овец, разводимых в Европейской части мира. Благодаря многоплодию, овцематки этих пород дают больше молока, что со временем может быть использовано для доения и получения молока. К ним относятся следующие породы: исландская, финский ландрас и романовская.

### Литература

1. Atavliyeva S., Tarlykov P. Genetic history of sheep domestication // Eurasian Journal of Applied Biotechnology. 2018. Jan. P. DOI: 10.11134/btp.1.2018.1.
2. Ahmad S.F., Mehrotra A., Charles S., Ganai N.A. Analysis of selection signatures reveals important insights into the adaptability of high-altitude Indian sheep breed Changthangi // Gene. 2021. 799. 145809. doi: 10.1016/j.gene.2021.145809.
3. Taylor W.T.T., Pruvost M., Posth C. et al. Evidence for early dispersal of domestic sheep into Central Asia // Nature Human Behaviour. 2021. Sept. DOI: 10.1038/s41562-021-01083-y.

4. Cui W., Wang H., Li J. et al. Sheep litter size heredity basis using genome-wide selective analysis // *Reproduction in Domestic Animals*. July 2024. 59 (7): e14689. DOI: 10.1111/rda.14689.
5. Марзанов Н.С. Физиологические маркеры крови овец и коз: теоретические и прикладные аспекты их применения : дис. на соиск. уч. степ. д-ра биол. наук. Дубровицы, 1994. 348 с.
6. Люцканов П.И. Создание новых типов цыгайских и каракульских овец в Республике Молдова с использованием генетических маркеров : дис. на соиск. уч. степ. д-ра биол. наук. Дубровицы, 2009. 220 с.
7. Li R., Zhao Y., Liang B. et al. Genome-Wide Signal Selection Analysis Revealing Genes Potentially Related to Sheep-Milk-Production Traits // *Animals*. 2023. 13. 1654. URL: <https://doi.org/10.3390/ani13101654>.
8. Ryder M.L. *Sheep and Man*. Gerald Duckworth & Co. Ltd, 1983. 846 p. DOI: 10.13140/RG.2.2.16385.22883.
9. Seykora A.J., McDaniel B.T. Genetics statistics and relationships of teat and udder traits, somatic cell counts, and milk production // *J. Dairy Sci.* 1986. Vol. 69. P. 2395 – 2407. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(86)80679-8.
10. Champion F., Dockes A., Lagriffoul G. et al. Bergers Demain en Brebis Laitières; études sur la production ovine laitière à l'horizon 2020. Éléments de diagnostic et propositions d'actions; Collection Résultats, Institut de l'Élevage. Paris, France, 2013. P. 7 – 47.
11. Martínez-Valladares M., Martín-Ramos E., Esteban-Ballesteros M. et al. Effect of level of infection by gastrointestinal nematodes and anthelmintic treatment on milk yield in dairy sheep // *Parasite*. 2021. 28. 71. DOI: 10.1051/parasite/2021068.
12. Correddu F., Gaspa G., Cesarani A., Macciotta N.P.P. Phenotypic and genetic characterization of the occurrence of noncoagulating milk in dairy sheep // *J. Dairy Sci.* 2022. Vol. 105. P. 6773 – 6782. DOI: 10.3168/jds.2021-21661.
13. Pulina G., Milán M.J., Lavín M.P. et al. Invited review: Current production trends, farm structures, and economics of the dairy sheep and goat sectors // *J. Dairy Sci.* 2018. Vol. 101. P. 6715 – 6729. DOI: 10.3168/jds.2017-14015.
14. Сыр. Научные основы и технологии / П.Л. МакСуини, П.Ф. Фокс, П.П. Коттер, Д.У. Эверетт. СПб.: Профессия, 2019. 556 с.
15. Канина К.А., Жижин Н.А., Атанасов П.Р., Пастух О.Н. Характеристика овечьего молока как сырья для производства молочных продуктов // *Изв. ТСХА*. 2022. Вып. 6. С. 146 – 158.
16. Ерохин А.И., Карасев Е.А., Шуварилов А.С., Ерохин С.А. Динамика производства молока овец и коз в мире и в России // *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2015. № 2. С. 27 – 29.
17. Светличный С.И. Продуктивные и воспроизводительные качества овец породы лакон разных лактаций : дис. на соиск. уч. степ. канд. биол. наук. Ставрополь, 2020. 134 с.
18. Селионова М.И., Айбазов А.-М.М., Гладких М.Ю. Состояние молочного овцеводства и перспективы применения геномных методов для улучшения продуктивности овец и состава молока // *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2024. № 1. С. 3 – 9. DOI: 10.26897/2074-0840-2024-1-3-9.
19. Рынок овечьего молока, SWOT, промышленные тенденции и прогноз 2032. Период исследования: 2023-2033 // Интернет-ресурс. URL: <https://www.verifiedmarketreports.com/ru/product/sheep-milk-market/> (дата обращения: 03.03.2025).
20. Mazinani M., Rude B. Population, World Production and Quality of Sheep and Goat Products // *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*. 2020. Vol. 15 (4). P. 291 – 299. DOI: 10.3844/ajavsp.2020.291.299.
21. Wang J.K., Han L.X., Wang D.Y., Li P.P. Shahidi F. Conjugated fatty acids in muscle food products and their potential health benefits: A review // *J. Agric. Food Chem.* 2020. Vol. 68. P. 13530 – 13540. DOI: 10.1021/acs.jafc.0c05759.
22. Chen Y., Xiao J., Zhu X. et al. Exploiting conjugated linoleic acid for health: a recent update // *Food & Function*. 2025. Vol. 16. P. 147 – 167. DOI: 10.1039/D4FO04911J.
23. Govari M., Vareltzis P. Conjugated linoleic acid in cheese: A review of the factors affecting its presence // *J. Food Sci.* 2025. Feb. 90 (2): e70021. doi: 10.1111/1750-3841.70021.
24. Светличный С.И., Бондаренко Н.Н., Меренкова Н.В., Селионова М.И., Свистунов С.В. Пилотный проект промышленного производства овечьего молока на Кубани // *Овцы, козы, шерстяное дело*. 2019. № 1. С. 20 – 24.
25. Молочная продуктивность и качество молока овец и коз : учеб. пособие / Г.А. Погосян, Ю.А. Юлдашбаев, Н.И. Кульмакова и др. М.: ЭЙПиСиПублишинг, 2025. 112 с.
26. Овцеводство : учебник / А.Ч. Гаглоев, Ю.А. Юлдашбаев, Ф.А. Мусаев и др.; под общ. ред. Ю.А. Юлдашбаева. М., 2023. С. 124 – 131.

27. Albenzio M., Figliola L., Caroprese M. et al. Somatic cell count in sheep milk // *Small Ruminant Research*. 2019. Vol. 176. P. 24 – 30. URL: [www.elsevier.com/locate/smallrumres](http://www.elsevier.com/locate/smallrumres).
28. Kurt S., Eşki F., Salar S., Baştan A. Investigation of Milk Somatic Cell Counts During Early Lactation Stages in Awassi Ewes // *Van Veterinary Journal*. 2022. Vol. 33 (1). P. 13 – 16. URL: <https://doi.org/10.36483/vanvetj.1063423>.
29. Kaskous S., Farschtschi S., Pfaff M.W. Physiological Aspects of Milk Somatic Cell Count in Small Ruminants – A Review // *Dairy*. 2023. Vol. 4. P. 26 – 42. URL: <https://doi.org/10.3390/dairy4010002>.
30. Кухлевская Ю. Мастит крс: битва за молочную продуктивность // *Эффективное животноводство*. 2023. № 12. С. 75 – 79.
31. Shah A., Darzi M.M., Kamil S.A. et al. Somatic cell alteration in healthy and mastitis milk of sheep and goats // *J. Entomol. Zool. Stud*. 2017. 5. 27 – 33.
32. Alhussien M.N., Dang A.K. Milk somatic cells, factors influencing their release, future prospects, and practical utility in dairy animals – An overview // *Vet. World*. 2018. Vol. 11. P. 562 – 577.
33. Hofmannová M., Rychtářová J., Sztankóová Z. et al. Association Between Polymorphism Of ABCG2 Gene and Somatic Cell Count In Czech Dairy Sheep Breeds // *Med. Weter*. 2018. Vol. 74 (8). P. 489 – 492. DOI: [dx.doi.org/10.21521/mw.6110](https://doi.org/10.21521/mw.6110).
34. Евлагина Д.Д. Полиморфизм генов GDF9, PRL,  $\beta$ -LG и его влияние на продуктивные качества овец породы лакон : дис. на соиск. уч. степ. канд. биол. наук. Ставрополь, 2022. 124 с.
35. Марзанов Н.С. Годовой научный отчет за 2024 год за № 0445-2021-0016 на тему: «Совершенствование методов оценки генотипа сельскохозяйственных животных по комплексу признаков с использованием популяционно-генетических, молекулярных и геномных методов исследований для повышения эффективности отбора особей в селекционные группы на породном и популяционном уровнях управления племенными ресурсами». Раздел 2. Разработать методы ДНК диагностики генотипов и аллелей в локусах пролактин (PRL), бета-лактоглобулина (BLG) и каппа-казеина (CSN3) у овец. № гос. регистрации 121052600344-8. Дубровицы, 2024. 26 с.
36. Марзанов Н.С., Абылкасымов Д.А., Либет И.С., Девришов Д.А., Марзанова С.Н. Характеристика аллелотипа у коров черно-пестрой породы по локусам бета- и каппа-казеина и качественные показатели молока // *Сб. тр. ФГАНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт молочной промышленности» / под общ. ред. А.Г. Галстяна. М., 2020. С. 368 – 376. DOI 10.37442/978-5-6043854-1-8-2020-1-368-376*.
37. Марзанов Н.С., Девришов Д.А., Марзанова С.Н. и др. ДНК-диагностика популяций коров черно-пестрой породы по локусу бета-казеина // *Ветеринария. Зоотехния. Биотехнология*. 2021. № 3. С. 78 – 84. DOI: [10.36871/vet.zoo.bio.202103011](https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202103011).
38. Юрова Е.А., Семенова Е.С., Мельденберг Д.Н., Канина К.А., Робкова Т.О. Сравнительная оценка молока-сырья жвачных сельскохозяйственных животных // *Молоч. пром-сть*. 2017. № 8. С. 60 – 63.
39. Канина К.А., Жижин Н.А. Изучение качества козьего молока и овечьего молока как сырья для производства молочных продуктов. Здоровьесберегающие технологии, качество и безопасность пищевой продукции // *Сб. ст. по материалам Всерос. конф. с междунар. участием. Краснодар, 2021. С. 238 – 241*.
40. De-Arriba R., Sánchez-Andres A. Production and productivity in Eastern and Western European sheep farming: a comparative analysis // *Livestock Research for Rural Development*. 2014. 26 (4). Article #66. Retrieved August 19, 2025. URL: <http://www.lrrd.org/lrrd26/4/arri26066.htm>.
41. Гончаренко И.В., Винничук Д.Т., Богданова Н.В. Сочетание молочного животноводства и овцеводства – перспективный или последний выбор? // *Укр. экол. журн*. 2018. Март. Т. 8 (1). С. 838 – 844. DOI: [10.15421/2018\\_282](https://doi.org/10.15421/2018_282)
42. Ульянов А.Н., Куликова А.А., Рыжков А.В. Молочная продуктивность овец разной породности // *Сб. науч. тр. Северокавказского науч.-исслед. ин-та животноводства. Краснодар, 2013. Т. 2. № 2. С. 78 – 81*.
43. Ерохин А.И., Котарев В.И., Ерохин С.А. Овцеводство. Воронеж: ФГБОУ ВПО Воронежский ГАУ, 2014. 450 с.
44. Давыдова Т. Молочное овцеводство на Самарской земле // *Журн. АГРО-ИНФОРМ*. 2022. Ноябрь. № 11 (289).
45. Вениаминов А.А. Породы овец мира. М.: Колос, 1984. 207 с.
46. Данкверт С.А., Холманов А.М., Осадчая О.Ю. Овцеводство стран мира. М., 2010. 508 с.
47. Шелест Л.С. Доение овцематок как весомый резерв перевода убыточного овцеводства в прибыльное // *Сб. науч. тр. Всерос. науч.-исслед. ин-та овцеводства и козоводства. Ставрополь, 2005. Т. 2. № 2. С. 152 – 156*.

48. Eyal E.A., Lawi A., Folman Y., Morag M. Lamb and milk production in a flock of dairy ewes under an accelerated breeding regime // *J. Agricultural Sci.* 1978. Vol. 91. P. 69 – 79.
49. East Frisian: Systematics, Range, Productive aptitude, Origins // Интернет-ресурс. URL: <https://antropocene.it/en/2023/02/20/east-frisian/> (дата обращения: 21.05.2025).
50. Разведение, кормление и содержание овец / К.Х. Кёниг, Х.И. Гутче, Х. Хойрих, Б. Купац. М.: Колос, 1974. С. 131 – 132.
51. Миллз О. Молочное овцеводство. М.: Агропромиздат, 1985. 243 с.
52. East Friesian Sheep Breed Information, History & Facts // Интернет-ресурс. URL: <https://sheepcaretaker.com/east-friesian-sheep/> (дата обращения: 04.04.2025).
53. Folman Y., Volcani R., Eyal E. Mother-offspring relationships in Awassi sheep. I: The effect of different suckling regimes and time of weaning on the lactation curve and milk yield in dairy flocks // *J. Agric. Sci. (Camb.)*. 1966. Vol. 67. P. 359 – 368.
54. McKusick B.C., Thomas D.L., Berger Y.M. Effect of Weaning System on Commercial Milk Production and Lamb Growth of East Friesian Dairy Sheep // *J. Dairy Sci.* 2001. Vol. 84. P. 1660 – 1668. URL: <https://www.researchgate.net/publication/11874250>.
55. Марзанова С.Н., Девришов Д.А., Турбина И.С., Марзанов Н.С. ДНК-диагностика мутантного FANCI<sup>BY</sup> аллеля, вызывающего брахиспину у крупного рогатого скота. М.: Академия Принт, 2024. 130 с.
56. What is Roquefort Cheese? What does Roquefort Taste Like? // Интернет-ресурс. URL: <https://www.cheese.com/roquefort/> (дата обращения: 02.04. 2025).
57. Barillet F., Marie C., Jacquin M., Lagriffoul G., Astruc J.M. The French lacaune dairy sheep breed: use in France and abroad in the last 40 years // *Livest. Prod. Sci.* 2001. Vol. 71. P. 17 – 29. doi: 10.1016/s0301-6226(01)00237-8.
58. Овцы породы лакон (lacaune) – РОТА-АГРО // Интернет-ресурс. URL: <https://culturecheesemag.com/farm-animal/lacaune-sheep/> (дата обращения: 12.04.2025).
59. Barillet F., Arranz J.J., Carta A. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphisms of milk proteins in dairy sheep // *Genet. Sel. Evol.* 2005. Vol. 37. P. 109 – 123. doi: 10.1186/1297-9686-37-S1-S109.
60. Duchemin S.I., Colombani C., Legarra A. et al. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed // *J. Dairy Sci.* 2012. Vol. 95 (5). P. 2723 – 2733. doi:10.3168/jds.2011-4980.
61. Tchamitchian L., Lefevr C., Brunel C., Bibe B., Ricordeau G. Development of a new synthetic prolific line of sheep (INRA 401) // 3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 15. 1986. P. 535 – 540. URL: <https://digitalcommons.unl.edu/wcgalp/15>.
62. Carcangiu V., Luridiana S., Pulinas L. et al. Improving dairy performance through molecular characterization of SREBP-1 gene in Sarda sheep breed // *Heliyon*. March. 2021. 7 (3): e06489. DOI: [10.1016/j.heliyon.2021.e06489](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e06489).
63. La DOP – Pecorino Sardo // Интернет-ресурс. URL: <https://www.pecorinosardo.it/pecorino-sardo/la-dop> (дата обращения: 27.06. 2025).
64. Pecorino romano DOP – Pecorino Romano // Интернет-ресурс. URL: <https://enjoypecorinoromano.eu/de/pecorino-romano-dop/> (дата обращения: 27.06. 2025)
65. Gelasakis A.I., Valergakis G.E., Arsenos G., Banos G. Description and typology of intensive Chios dairy sheep farms in Greece // *J. Dairy Sci.* 2012. Vol. 95. P. 3070 – 3079. DOI: 10.3168/jds.2011-4975.
66. Meydan H., Rashaydeh F.S., Al-Atiyat R.M., Yildiz B.I. Genetic diversity of awassi sheep reared in fertile crescent based on microsatellites: a review // *J. Animal and Plant Sci.* 2024. Vol. 34 (5). P. 1099 – 1111. DOI: 10.36899/JAPS.2024.5.0792.
67. Poutrel B. Les mammites de la chèvre et de la brebis. 6ème journées INRA-ITOVIC de la recherche ovine et caprine. 1981. P. 214 – 233.
68. Al-Zubaidy R. Changes of the growth traits of lambs and milk composition in subclinical mastitis in awassi sheep : Thesis / University of Baghdad, December. 2014. 103 p.
69. Gootwine E. Genetics and breeding of sheep and goats // *Animal Agriculture*. Elsevier Inc. 2020. Chapter 10. P. 183 – 198. URL: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-817052-6.00010-0>.
70. Raicheva E., Kistanova E. Individual laboratory yield of sheep cheese from control day milk of Pleven blackhead sheep breed // *Biotechnology in Animal Husbandry*. 2005. Vol. 21 (5-6). № 1. P. 381 – 385. DOI: 10.2298/BAH0506381R.
71. Ivanova T., Raicheva E., Pacinovski N. Yield of cheese and sheep milk composition from synthetic population of Bulgarian dairy and East-Friesian breed // *Biotechnology in Animal Husbandry*. 2011. Jan. 27 (3). P. 1105 – 1111. DOI: 10.2298/BAH1103105I.
72. Fahmy M.H., Mason I.L. Newly Developed Prolific Breeds. Chap 3.13. Prolific Sheep. CAB International. University Press, Cambridge, 1996. 542 p.

73. British Milk Sheep. Disadvantages & Advantages // Интернет-ресурс. URL: <https://www.peekapoos.info/2023/10/british-milk-sheep.html> (дата обращения: 27.06. 2025).
74. Shrestha J.N.B., Heaney D.P. "Review of Canadian, Outaouais and Rideau Arcott breeds of sheep: 1. Development and characterization"// Small Ruminant Research. 2003-07-01. 49 (1): 79 – 96. doi:10.1016/S0921-4488(03)00070-1.
75. Clop A., Marcq F., Takeda H. et al. "A mutation creating a potential illegitimate microRNA target site in the myostatin gene affects muscularity in sheep" // Nat. Genet. 2006. Vol. 38 (7). P. 813 – 818. doi:10.1038/ng1810.
76. Menezes L. de M., Fontoura E.A.B. da, Tâmara J.Q. et al. Milk yield of Texel sheeps submitted to supplementation // Research, Society and Development. [S. l.]. 2021. V. 10. № 2. P. e30010212500. DOI: 10.33448/rsd-v10i2.12500.
77. Катадин (порода овец) // Большая российская энциклопедия. Интернет-ресурс. URL: <https://bigenc.ru/c/katadin-poroda-ovets-761979?ysclid=меро3ет9up569964379> (дата обращения: 12.05. 2025).
78. Burgos-González C., Huerta-Aparicio M., Aguirre V. et al. Short communication: milk production and lamb development in Saint Croix and Katahdin hair sheep breeds (*Ovis aries*) // Trop Anim Health Prod. 2018. Mar. 50 (3): 683 – 687. doi: 10.1007/s11250-017-1448-8.
79. Becker G.M., Thorne J.W., Burke J.M. et al. Genetic diversity of United States Rambouillet, Katahdin and Dorper sheep // Genetics Selection Evolution. 2024. 56. 56. URL: <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00905-7>.
80. Katahdin Sheep // The Livestock Conservancy. Интернет-ресурс. URL: <https://livestockconservancy.org/about-us/conservation-successes/katahdin-sheep/> (дата обращения: 22.05.2025).
81. Dadis-transboundary-breed-ws.web.app // Интернет-ресурс. URL: <https://dadis-transboundary-ext-ws.web.app/?species=Sheep&transboundary=Katahdin&lang=en> (дата обращения: 13.06.2025).

УДК 638.220

## Современные достижения в геномике тутового шелкопряда (*Bombyx mori*): от молекулярных маркеров к полному геному

Кошкина О.А., Денискова Т.Е.,  
Зиновьева Н.А.

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Московская обл., Россия

**Аннотация.** Тутовый шелкопряд (*Bombyx mori*) представляет собой не только основу традиционного шелководства, но и уникальную модель для геномных исследований среди чешуекрылых. В статье представлен комплексный анализ эволюции геномных исследований *B. mori*, охватывающий период от первых работ с молекулярными маркерами до создания полной теломер-теломерной сборки генома в 2024 году. Особое внимание уделено развитию методов генетического анализа: от ранних подходов (RAPD, RFLP, AFLP) до современных высокополиморфных микросателлитных маркеров и полногеномного секвенирования. Детально проанализированы успехи в идентификации генов, контролирующих ключевые хозяйственно-ценные признаки, включая гены продуктивности (*BmAbl1*, *BmVps13d*), развития шелкоотделительных желез (*BmSGF1*, *BmPriS*), метаморфоза (*BmShadow*, BR-C), окраски коконов (*Bm-re*, *Gn-Str* кластер) и репродукции (*BmSer1*, *BmNap*). Значимым достижением стало создание интегративных баз данных и атласов экспрессии генов, обеспечивающих основу для системной биологии шелкопряда. Обобщены современные представления о молекулярных механизмах доместикации и селекционного улучшения, в том числе выявленные гены-кандидаты селективного отбора, связанные с нервной системой и метаболизмом. Отмечен значительный прогресс в изучении генетических основ адаптации, включая механизмы диапаузы и устойчивости к стрессам. Полученные данные имеют фундаментальное значение для понимания эволюции насекомых и практическое применение в селекционных программах. Особый акцент сделан на перспективных направлениях исследований, включая функциональную геномику, изучение регуляторных систем и создание эталонных транскриптомов. Работа демонстрирует, как достижения геномики трансформируют традиционную селекцию, открывая путь к целенаправленному конструированию пород шелкопряда с заданными свойствами.

**Ключевые слова:** *Bombyx mori*, геном, микросателлиты, молекулярные маркеры, селекция, транскриптом.

**Для цитирования:** Кошкина О.А., Денискова Т.Е., Зиновьева Н.А. Современные достижения в геномике тутового шелкопряда (*Bombyx mori*): от молекулярных маркеров к полному геному // Успехи наук о животных. 2025. № 3. С. 41—51. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.003

## Modern advances in silkworm (*Bombyx mori*) genomics: from molecular markers to complete genome

O.A. Koshkina, T.E. Deniskova,  
N.A. Zinovieva

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry  
Moscow Region, Russia

**Abstract.** The silkworm (*Bombyx mori*) serves not only as the foundation of traditional sericulture but also as a unique model for genomic research among lepidopterans. This article provides a comprehensive analysis of the evolution of genomic studies of *B. mori*, covering the period from the initial work with molecular markers to the creation of a complete telomere-to-telomere genome assembly in 2024. Particular attention is paid to the development of genetic analysis methods: from early approaches (RAPD, RFLP, AFLP) to modern highly polymorphic microsatellite markers and whole-genome sequencing. The successes in identifying genes controlling key economically valuable traits are analyzed in detail, including genes for productivity (*BmAbl1*, *BmVps13d*), silk gland development (*BmSGF1*, *BmPriS*), metamorphosis (*BmShadow*, BR-C), cocoon coloration (*Bm-re*, *Gn-Str* cluster), and reproduction (*BmSer1*, *BmNap*). A significant achievement has been the creation of integrative databases and gene expression atlases, providing a foundation for the systems biology of the silkworm. Current understanding of the molecular mechanisms of domestication and breeding improvement is summarized, including the identified candidate genes for selective selection associated with the nervous system and metabolism. Significant progress in studying the genetic basis of adaptation, including the mechanisms of diapause and stress resistance, is noted. The obtained data are of fundamental importance for understanding insect evolution and have practical applications in breeding programs. Special emphasis is placed on promising research directions, including functional genomics, the study of regulatory systems, and the creation of reference transcriptomes. The work demonstrates how genomic advances are transforming traditional breeding, paving the way for the targeted development of silkworm breeds with desired traits.

**Keywords:** *Bombyx mori*, genome, microsatellites, molecular markers, breeding, transcriptome.

**For citation:** Koshkina OA, Deniskova TE, Zinovieva NA. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 3: 41—51. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.003

Генетический анализ и систематизация селекционных линий домашних организмов являются ключевыми элементами для сохранения генофонда (включая аборигенные породы) и разработки селекционных программ. Эти программы нацелены на выведение новых усовершенствованных гибридных линий, обладающих повышенной хозяйственной ценностью. Для одомашненного тутового шелкопряда (*Bombyx mori* L.) характерно глобальное распространение и значительное генетическое разнообразие, которое включает множество традиционных генотипов, гибридных форм, селекционных и коммерческих линий [1]. Как подчеркивает Т.А. Стайкова [2], сохранение данного биоразнообразия является необходимым условием для отбора ценных признаков.

Тутовый шелкопряд (*Bombyx mori*) представляет собой насекомое, имеющее важное агрономическое значение, и является ключевой молекулярной моделью среди чешуекрылых (*Lepidoptera*) [3]. В результате одомашнивания, которое длилось более 5000 лет [4], селекционерами было создано свыше 3000 штаммов тутового шелкопряда [5], некоторые из которых, несмотря на разведение в различных регионах мира, демонстрируют схожесть морфологических признаков. Согласно классификации, предложенной Liu Y. с соавт. [6], выделяют четыре основные географические породы (китайскую, японскую, европейскую и тропическую), которые различаются по комплексу морфологических, физиологических и хозяйственно-ценных признаков. К последним относятся происхождение, тип волтинизма (моно-, би- или поливольтинность), продолжительность личиночной стадии, морфология и окраска кокона, длина шелковой нити, количество линек, а также устойчивость к заболеваниям [7]. Изучение генетического разнообразия пород тутового шелкопряда и их последующее использование в селекционных программах являются ключевым фактором для повышения продуктивности и улучшения качественных показателей коммерческого шёлка. В настоящее время крупнейшие центры шелководства сосредоточены в таких странах, как Китай, Индия, Япония, Таиланд, Корея, Италия, Россия, Болгария и Румыния [8-10]. Практическая ценность *B. mori* не ограничивается шелководством – данный вид также служит эффективной биотехнологической платформой для синтеза рекомбинантных белков [11] и выступает ключевой моделью для фундаментальных исследований в области генетики, физиологии и микробиологии насекомых [3, 10].

Несмотря на широкое применение морфологических признаков для характеристики пород тутового шелкопряда, их использование ограничено высокой степенью изменчивости и сильной зависимостью от условий окружающей среды. Молекулярные маркеры позволяют преодолеть эти ограничения, поскольку они устойчивы к влиянию окружающей среды и могут быть однозначно идентифицированы на любой стадии онтогенеза насекомого [12]. На сегодняшний день существует множество методов специфичных маркеров: таких как простые тандемные повторы (Simple Sequence Repeats, SSR), случайная амплификация полиморфной ДНК (Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD), полиморфизм межпростыми тандемными повторами (Inter Simple Sequence Repeat, ISSR), амплификация полиморфизма длин фрагментов (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP) и полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (Restriction Fragment Length Polymorphism, RFLP). Подобные маркеры активно используются в животноводстве для мониторинга генетического разнообразия и селекции по хозяйственно-ценным признакам, включая продуктивность, воспроизводство и резистентность к заболеваниям, что подтверждено исследованиями на крупном рогатом скоте [13], овцах [14], козах [15], свиньях [16] и птице [17].

Внедрение молекулярных маркеров в селекцию тутового шелкопряда имеет критически важное значение, поскольку открывает возможности для построения карт сцепления генов, генетической паспортизации селекционных линий и реализации высокоточного отбора на основе маркеров. Проведение генетического анализа позволяет

получить ключевые данные о происхождении и эволюционной истории пород и гибридов тутового шелкопряда из Восточной Европы и Азии, что создает основу для оптимизации существующих программ селекции и разработки новых пород.

Тутовый шелкопряд (*Bombyx mori*) является не только основным продуцентом натурального шелка, но и важнейшим модельным объектом в генетике, биотехнологии и молекулярной биологии насекомых. За последние десятилетия достигнут значительный прогресс в области геномных исследований этого вида, однако стремительное развитие технологий секвенирования и накопление большого объема разрозненных данных требуют систематизации и комплексного анализа. Отсутствие обобщающих работ, охватывающих весь спектр современных достижений: от классических методов молекулярного маркирования до полногеномных исследований и функциональной геномики, затрудняет эффективное использование накопленных знаний в селекционной практике и фундаментальных исследованиях.

В связи с этим **целью работы** стало проведение комплексного анализа эволюции геномных исследований тутового шелкопряда, систематизация современных данных о генетических маркерах, ключевых генах хозяйственно-ценных признаков и молекулярных механизмах селекционно значимых процессов, а также оценка перспективных направлений дальнейших исследований в контексте развития селекции и биотехнологии.

**Материалы и методы.** В качестве материалов для исследования были использованы публикации в рецензируемых журналах, в которых представлена информация об использовании ДНК-маркеров в шелководстве и других отраслях животноводства. Для поиска статей по теме исследований использованы следующие базы данных и электронные ресурсы: PubMed, ResearchGate, электронные библиотеки eLIBRARY.RU и «КиберЛенинка».

**Результаты и обсуждение.** В предыдущих исследованиях для генетической характеристики штаммов и высокоплотного картирования генома шелкопряда применялся ряд методов. Метод случайной амплификации полиморфной ДНК (RAPD) был использован для ДНК-профилирования диапаузирующих и недиапаузирующих разновидностей тутового шелкопряда [18], составления молекулярных карт сцепления [19, 20], выявления устойчивости к денсонуклеовирусу [21, 22] и ядерному полиэдрозному вирусу NPV [23]. Метод анализа полиморфизма длин амплифицированных фрагментов ДНК (AFLP) применялся для построения карт сцепления тутового шелкопряда [24] и идентификации локусов количественных признаков (QTL), связанных с весом кокона [25]. Молекулярные карты сцепления также были построены с использованием методов анализа полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (RFLP) [26] и анализа микросателлитных локусов (SSR) [27; 28]. К тому же с использованием метода RFLP были изучены генетические взаимоотношения пород тутового шелкопряда [29, 30]. Применение межмикросателлитного генотипирования (ISSR) позволило определить локусы количественных признаков, влияющих на продуктивность [31]. С помощью ISSR-анализа также была изучена генетическая структура популяций тутового шелкопряда [32] и установлены генетические связи между мутантными штаммами *Bombyx mori* [33].

Одним из самых популярных генетических маркеров в популяционной генетике, по мнению Sharma P. с соавтр [34], стали микросателлиты (MC). Микросателлитные последовательности (Short tandem repeats, STR), состоящие из тандемных повторов длиной 1-6 п.о., являются консервативными генетическими элементами, присутствующими у представителей прокариот и эукариот [35]. Микросателлиты обнаруживаются по всему геному, в том числе в белок-кодирующих и некодирующих регионах, обеспечивая высокий уровень полиморфизма [36]. Характер распределения и изменчивости микросателлитных маркеров служит важным источником данных для изучения эволюционной истории вида и последствий искусственного отбора.

Исследования микросателлитных локусов (МС) в геноме тутового шелкопряда, начатые в 1999 году работой Reddy K. и соавт., заложили основу для последующего масштабного анализа. В своем исследовании авторы выделили и охарактеризовали 28 МС у 13 различных штаммов, выявив высокий уровень аллельного разнообразия (от 3 до 17 аллелей на локус) и ожидаемой гетерозиготности (0,66–0,90) [27]. Эти результаты стимулировали дальнейшее изучение роли микросателлитов в геноме *B. mori*.

Значительным шагом вперед стало исследование Prasad M. и соавт. (2005), которые с помощью комплексного подхода *in silico*, основанного на анализе данных полногеномного shotgun-секвенирования (WGS) [37], BAC-клонов Z-хромосомы [39] и EST-меток [40], определили, что доля микросателлитных последовательностей в геноме шелкопряда составляет 0,31%. Им удалось локализовать 37 микросателлитных локусов в 8 группах сцепления [38]. Параллельно компьютерному анализу авторы провели экспериментальную оценку генетического разнообразия 13 штаммов с использованием 26 микросателлитных локусов, что позволило выявить 89 аллелей со средним значением 3,87 аллеля на локус. Таким образом, работа Prasad M. и соавт. не только уточнила общую характеристику микросателлитного ландшафта генома, но и подтвердила практическую ценность МС-маркеров для популяционно-генетических исследований тутового шелкопряда, продолжив и углубив начинания, сделанные Reddy K. и его коллегами.

В том же году Li M. и соавт. оценили генетическое разнообразие 31 породы шелкопряда на основе полиморфизма уже других 26 микросателлитных локусов. В результате было обнаружено 188 аллелей, а среднее число аллелей на локус составило 7,3 [41], что почти вдвое превышало аналогичный показатель, полученный Prasad M. и соавт. [38]. Столь высокий уровень полиморфизма подтвердил высокую разрешающую способность предложенных SSR-маркеров, которая оказалась достаточной для дифференциации даже филогенетически близких пород.

Эти точечные исследования генетического разнообразия закономерно привели к качественно новому этапу — созданию инструментов для навигации по всему геному. Очевидным следствием и обобщением накопленных данных стала карта сцепления второго поколения, построенная в том же году на основе полиморфизма 518 МС, распределенных среди 29 групп сцепления [42].

Создание таких высокоплотных карт открыло возможность для целенаправленного применения микросателлитных маркеров в решении конкретных селекционных задач. Ярким примером этого стал сравнительный генетический анализ, проведенный в 2014 году на семи породах и восьми гибридных линиях из Восточной Европы и Азии. Используя всего пять тщательно отобранных высокополиморфных микросателлитных маркеров, авторы не только выявили 31 аллельный вариант, но и продемонстрировали их высокую эффективность для оценки генетической дифференциации. На основании полученных данных была четко выявлена генетическая обособленность географически удаленных пород, таких как индийская IBV и румынско-японская RG90 [45], что подтвердило ценность ранее разработанных маркерных панелей для популяционных и селекционных исследований.

В то время как исследования отдельных маркеров успешно решали прикладные задачи, параллельно развивалось и фундаментально новое направление — полногеномное секвенирование. Работа по исследованию всего генома шелкопряда достигла своего первого триумфа в 2004 году, когда был получен первый черновой вариант последовательности генома *B. mori* в результате трёхкратного shotgun-секвенирования (Whole Genome Shotgun Sequencing, WGS) [37]. Этот прорывной проект, ставший первым геномным анализом чешуекрылых, заложил фундаментальную основу для всех

последующих геномных исследований в этой группе насекомых, открыв эру современной геномики шелкопряда.

Это достижение стало отправной точкой для непрерывного совершенствования геномных сборок. Так, в 2008 году на основе интеграции двух независимых наборов данных полногеномного секвенирования была получена значительно улучшенная версия сборки [37, 44]. Качественный скачок произошел в 2019 году, когда Kawamoto M. с соавт. представили одну из лучших эталонных последовательностей генома среди чешуекрылых, доступную через платформу SilkBase [47, 48]. Функциональная аннотация этой версии выявила 16 880 прогнозируемых генов, включая 1 387 ранее неизвестных генов. В 2021 году осуществлена сборка генома на уровне хромосом для *B. mori* с резистентностью к BmNPV, где комбинация платформ секвенирования (PacBio, Illumina) и метода Hi-C обеспечила высокое качество сборки [73].

Результатом последовательного улучшения геномных сборок стала первая полная теломер-теломерная сборка (T2T) генома тутового шелкопряда, представленная в 2024 году. Эта сборка, лишенная пробелов и включающая все повторяющиеся регионы, содержит 28 хромосом (включая W-хромосому) и аннотации для 18 253 белков-кодирующих генов [49].

Создание этого эталонного генома высочайшего качества закладывает основу для дальнейшей селекции, позволяя идентифицировать и изучать все без исключения генетические варианты, связанные с хозяйственно-ценными признаками, и открывая путь к целенаправленному конструированию пород шелкопряда с заданными свойствами.

Наличие референсных геномов высокого качества дало мощный импульс исследованиям в области функциональной геномики. Знаковым достижением на этом пути стало полногеномное секвенирование 40 образцов, представляющих одомашненные и дикие популяции шелкопряда, выполненное под руководством Xia Q. [46]. Этот анализ выявил 14 023 573 и 13 237 865 однонуклеотидных полиморфизмов у культурной и дикой форм соответственно и позволил идентифицировать 354 гена-кандидата, демонстрирующих признаки селективного отбора в процессе доместикации. Среди этих генов преобладали те, что связаны с развитием нервной системы, метаболизмом и процессами роста.

Параллельно развивалось направление, связанное с выявлением генов, подвергшихся целенаправленному отбору в ходе селекции. В работе Li C. et al. [55] с применением полногеномного подхода было идентифицировано 24 геномных региона с выраженными сигналами отбора, семь из которых содержали 13 генов-кандидатов. Примечательно, что функции семи из этих генов (*BGIBMGA000740*, *BGIBMGA000481*, *BGIBMGA012224*, *BGIBMGA003850*, *BGIBMGA003879*, *BGIBMGA003227*, *BGIBMGA004050*) были связаны с реакцией на нервные сигналы, а еще два (*BGIBMGA007531*, *BGIBMGA004050*) — с регуляцией транскрипции. Особый интерес представляет ген *BmCRTC1* (*BGIBMGA004050*). Предполагается, что отобранные варианты в его регуляторной области модулируют уровень экспрессии как в нервной системе, так и в шелкоотделительных железах, что, в свою очередь, могло привести к увеличению выхода шелка в ходе селекции.

Параллельно изучению генов доместикации велись исследования молекулярных основ хозяйственно-ценных признаков. Так, в 2020 году китайскими исследователями с помощью интегративного анализа транскриптома и протеома был раскрыт механизм гетерозиса. Оказалось, что лишь небольшая группа генов и белков наследуется по сверхдоминантному типу, тогда как большинство проявляют неаддитивные эффекты. Среди ключевых факторов гетерозиса выделены три белка с повышенной экспрессией в шелкоотделительных железах: глюкозо-6-фосфатдегидрогеназа (*G6PDH*),

фосфатидилэтаноламин-связывающий белок (*PEBP*) и малый белок теплового шока *sHSP20.4* [50].

Интенсивно изучаются гены, определяющие ключевые параметры шелкопроизводства. Идентифицированы гены, контролирующие ключевые параметры: *BmAbl1*, ассоциированный с основным QTL выхода шелка на Z-хромосоме [57]; *BmVps13d*, влияющий на количество продуцируемого шелка [58]; \*fhx-L1\*, определяющий качественные характеристики шелковой нити [59]. Пять генов (*BGIBMGA002524*, *BGIBMGA002629*, *BGIBMGA005659*, *BGIBMGA005711*, *BGIBMGA010889*) показали тесную связь с массой шелкоотделительных желез [60]. Также охарактеризованы регуляторные гены развития желез: *Sage*, *Dfd*, *SGF1* [56], *Bmgsb* и *BmHR3* (участвующие в транскрипционном контроле фиброиновых генов) [61, 62], а также *BmSLC7A5*, *BmSGF1* и *BmPriS*, регулирующие синтез белка и рост желез [63-65].

Важным аспектом является изучение генетики окраски и репродукции. Установлены генетические детерминанты пигментации: *Bm-re* и *BmSema1a*, ответственные за цвет кокона и эмбриональную летальность [66]; *Bmmah*, ассоциированный с красно-коричневой окраской кокона и глаз [67]; при этом *Bm-re* в гомозиготном состоянии также обуславливает красную пигментацию яиц и глаз [68]. Кластер генов *Gn\_Str* на 27-й хромосоме регулирует формирование зеленой окраски коконов [69].

Фундаментальной основой для этих исследований послужил первый эталонный транскриптом, созданный в 2021 году на основе РНК-секвенирования десяти ключевых личиночных тканей [72], что создало референсную базу для анализа экспрессии генов.

Значительные успехи достигнуты в изучении регуляторных систем. Прежде всего, был впервые осуществлен крупномасштабный полногеномный поиск факторов транскрипции (ТФ) в шелкоотделительной железе и проанализирована их экспрессия в переднем, среднем и заднем отделах [74]. Впоследствии идентифицированы гены-мишени транскрипционного фактора BR-C (Broad-Complex) — ключевого регулятора метаморфоза насекомых [75].

В контексте иммунной защиты были охарактеризованы гены *Nimrod-B* и *Draper*, участвующие в антибактериальном иммунном ответе [76], а также ген *BmCTL10*, регулирующий клеточный иммунный ответ [77].

В сфере репродукции были достигнуты значительные успехи в расшифровке генетических основ фертильности. Установлена связь между мутацией гена *BmSer1* и бесплодием самцов с материнским типом наследования [78]. Доказана ключевая роль гена *BmHen1* в развитии эупиреновых сперматозоидов и мужской фертильности [79], в то время как мутации в гене *BmNap* приводят к бесплодию самок [80]. Дополнительно выявлено участие генов \*BmsGC-α1\* [81] и *BmDGAT1* [82] в регуляции репродуктивной системы.

Значительный прогресс достигнут в расшифровке генетических механизмов, контролирующих развитие шелкопряда. Установлено, что ген *Bm30kc6* кодирует белок-ингибитор апоптоза, защищающий клетки шелкоотделительных желез от преждевременной гибели на ранних стадиях метаморфоза. Функциональные исследования подтвердили его роль как критического регулятора ремоделирования тканей, обеспечивающего синхронную инволюцию желез при переходе от куколки к имаго. Нарушение функции этого гена приводит к аномалиям развития и снижению выживаемости [51]. Другой важный ген – *BmSV2B* – также оказывает существенное влияние на развитие личинок [52].

Особое внимание уделено молекулярным основам метаморфоза. В 2020 году была раскрыта роль гена *BmShadow*, где делеция 14 аминокислот в кодируемом белке приводит к остановке развития на второй личиночной стадии. Показано, что данная мутация

нарушает работу сигнального пути экдизона – ключевого регулятора линьки у насекомых [53]. Также в процессах роста и развития личинок участвует ген *BmC/EBPZ* [54].

Параллельно развивались исследования в смежных областях геномики. Получены данные о нуклеотидной последовательности полного митохондриального генома *B. mori* [70]. Филогенетический анализ, основанный на данных о полных митохондриальных геномах *B. mori* и его дикого предка *B. mandarina* подтверждает гипотезу о китайском происхождении домашнего шелкопряда [71].

В то же время интенсивно изучались генетические механизмы адаптации и устойчивости. Особое внимание было уделено исследованию генетических основ диапаузы – ключевого адаптивного механизма. Установлено, что регуляция температурно-зависимой индукции диапаузы осуществляется сложной сетью генов, включающей *per*, *tim*, *Clk*, *cyc*, *cry2* и *cry1* [83, 84], с дополнительной регуляцией через гены *BmINR* и *BmAC6* [85]. Важным направлением стало изучение молекулярных основ стрессоустойчивости. Показана критическая роль гена *BmMETTL4* в регуляции эмбрионального развития [86] и гена *Bmsn* в механизме устойчивости к высоким температурам [87].

Проведенный анализ современных геномных исследований тутового шелкопряда (*Bombyx mori*) позволяет сформулировать следующие выводы. Прежде всего, **завершена эра референсных геномов** – создание полной теломер-теломерной сборки генома (2024) знаменует качественно новый этап в геномике чешуекрылых, обеспечивая беспрецедентно полную основу для исследований. **Сформирована комплексная система генетических маркеров** – от первых микросателлитных карт до современных панелей SNP, что позволяет эффективно решать задачи генетической паспортизации и селекции. **Выявлены ключевые генетические детерминанты** хозяйственно-ценных признаков: гены контроля развития и продуктивности (*Bm30kc6*, *BmAbl1*, *BmVps13d*), регуляторы метаморфоза (*BmShadow*, *BR-C*), факторы гетерозиса (*G6PDH*, *PEBP*, *sHSP20.4*). **Установлены молекулярные основы доместикации** – идентифицированы 354 гена-кандидата селективного отбора, преимущественно связанных с нервной системой и метаболизмом. **Раскрыты механизмы адаптации** – от температурно-зависимой диапаузы (гены *cyc*, *per*, *tim*) до устойчивости к стрессам (*Bmsn*). **Созданы фундаментальные ресурсы** – эталонные транскриптомы, атласы экспрессии, базы данных (SilkBase), обеспечивающие основу для системной биологии.

## Литература

1. Vijayan K., Nair C.V., Urs S.R. Assessment of genetic diversity in the tropical mulberry silkworm (*Bombyx mori* L.) with mtDNA-SSCP and SSR markers // Emirates Journal of Food and Agriculture. 2010. Vol. 22. P. 71 – 83.
2. Staykova T.A. Genetically-determined polymorphism of nonspecific esterases and phosphoglucomutase in eight introduced breeds of the silkworm, *Bombyx mori*, raised in Bulgaria // J. of Insect Science. 2008. Vol. 8. P. 18.
3. Nagaraju J., Klimenko V., Couble P. The silkworm *Bombyx mori*, a model genetic system // Encyclopedia of Genetics / ed. by E. Reeves. London: Fitzroy Dearborn, 2000. P. 219 – 239.
4. Ganesh P., Selvisabhanayakam P., Balasundaram D., Pradhap M., Vivekananthan T., Mathivanan V. Effect of food supplementation with silver nanoparticles (AgNps) on feed efficacy of silkworm, *Bombyx mori* (L.) (Lepidoptera: Bombycidae) // International Journal of Research in Biological Sciences. 2012. Vol. 2. P. 60 – 67.
5. Nagaraju J., Reddy K.D., Nagaraja G.M., Sethuraman B.N. Comparison of multilocus RFLPs and PCR-based marker systems for genetic analysis of the silkworm, *Bombyx mori* // Heredity. 2001. Vol. 86. P. 588 – 597.
6. Liu Y.Q., Qin L., Li Y.P. et al. Comparative genetic diversity and genetic structure of three Chinese silkworm species *Bombyx mori* L. (Lepidoptera: Bombycidae), *Antheraea pernyi* Guérin-Meneville and *Samia cynthia ricini* Donovan (Lepidoptera: Saturniidae) // Neotropical Entomology. 2010. Vol. 39. P. 967 – 976.

7. Kim K. Y., Lee E. M., Lee I. H. et al. Intronic sequences of the silkworm strains of *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae): High variability and potential for strain identification // *European Journal of Entomology*. 2008. Vol. 105. P. 73 – 80.
8. Velu D., Ponnuvel K.M., Muthulakshmi M., Sinha R.K., Qadri S.M. Analysis of genetic relationship in mutant silkworm strains of *Bombyx mori* using inter simple sequence repeat (ISSR) markers // *J. of Genetics and Genomics*. 2008. Vol. 35, № 5. P. 291 – 297.
9. Goldsmith M.R., Shimada T., Abe H. The genetics and genomics of the silkworm, *Bombyx mori* // *Annual Review of Entomology*. 2005. Vol. 50. P. 71 – 100.
10. Jingade A.H., Vijayan K., Somasundaram P., Srivasababu G.K., Kamble C. K. A review of the implications of heterozygosity and inbreeding on germplasm biodiversity and its conservation in the silkworm, *Bombyx mori* // *J. of Insect Science*. 2011. Vol. 11. P. 8.
11. Tomita M., Munetsuna H., Sato T. et al. Transgenic silkworm produce recombinant human type III procollagen in cocoons // *Nature Biotechnology*. 2003. Vol. 21. P. 52 – 56.
12. Gaviria D.A., Aguilar E., Serrano H.J., Alegria A.H. DNA fingerprinting using AFLP markers to search for markers associated with yield attributes in the silkworm, *Bombyx mori* // *J. of Insect Science*. 2006. Vol. 6. P. 15.
13. Hussain S., Alex R., Alyethodi R. R. et al. Development of a RAPD marker-based classification criterion for quality semen production in Holstein crossbred bulls // *Reproduction in Domestic Animals*. 2021. Vol. 56. № 5. P. 736 – 743. DOI: 10.1111/rda.13912.
14. Nesteruk L. V., Makarova N. N., Evsyukov A. N. et al. Сравнительная оценка генофондов пород овец с использованием ISSR-анализа // *Генетика*. 2016. Т. 52. № 3. С. 346 – 356.
15. Абдельманова А.С., Денискова Т.Е., Петров С.Н. и др. Оценка динамики генетического разнообразия популяций оренбургской породы коз с использованием микросателлитных маркеров // *Достижения науки и техники АПК*. 2024. Т. 38. № 9. С. 50 – 56. DOI: 10.53859/02352451\_2024\_38\_9\_50.
16. Miguel M.A., Mingala C.N. Screening of Pig (*Sus scrofa*) Bactericidal Permeability-Increasing Protein (BPI) Gene as Marker for Disease Resistance // *Animal Biotechnology*. 2019. Vol. 30. № 2. P. 146 – 150. DOI: 10.1080/10495398.2018.1450266.
17. Herbergs J., Siwek M., Crooijmans R.P., Van der Poel J.J., Groenen M.A. Multicolour fluorescent detection and mapping of AFLP markers in chicken (*Gallus domesticus*) // *Animal Genetics*. 1999. Vol. 30. № 4. P. 274 – 285. DOI: 10.1046/j.1365-2052.1999.00494.x.
18. Nagaraju J., Reddy K.D., Nagaraja G.M., Sethuraman B.N. Comparison of multilocus RFLPs and PCR-based marker systems for genetic analysis of the silkworm, *Bombyx mori* // *Heredity*. 2001. Vol. 86. № 5. P. 588 – 597. DOI: 10.1046/j.1365-2540.2001.00861.x.
19. Promboon A., Shimada T., Fujiwara H., Kobayashi M. Linkage map of random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) in the silkworm, *Bombyx mori* // *Genetical Research*. 1995. Vol. 66. P. 1 – 7.
20. Yasukochi Y. A dense genetic map of the silkworm, *Bombyx mori*, covering all chromosomes based on 1018 molecular markers // *Genetics*. 1998. Vol. 150. P. 1513 – 1525.
21. Abe H., Sugasaki T., Kanehara M. et al. Identification and genetic mapping of RAPD markers linked to the denonucleosis refractoriness gene, *nsd-2*, in the silkworm, *Bombyx mori* // *Genes & Genetic Systems*. 2000. Vol. 75. № 2. P. 93 – 96.
22. Li M.W., Yao Q., Hou C.X., Lu C., Chen K.P. Studies on RAPD markers linked the denonucleosis refractoriness gene, *nsd-Z* in silkworm, *Bombyx mori* L. // *Sericologia*. 2001. Vol. 41. № 3. P. 409 – 415.
23. Yao Q., Li M.W., Wang Y. et al. Screening of molecular markers for NPV resistance in *Bombyx mori* L. (Lep.: Bombycidae) // *J. of Applied Entomology*. 2003. Vol. 127. P. 134 – 136.
24. Tan Y.D., Wan C.L., Zhu Y.F. et al. An amplified fragment length polymorphism map of the silkworm // *Genetics*. 2001. Vol. 157. P. 1277 – 1284.
25. Lu C., Li B., Zhao A., Xiang Z. QTL mapping of economically important traits in silkworm (*Bombyx mori*) // *Science in China Series C: Life Sciences*. 2004. Vol. 47. № 5. P. 477 – 484.
26. Shi J., Heckel D.G., Goldsmith M.R. A genetic linkage map for the domesticated silkworm, *Bombyx mori*, based on restriction fragment length polymorphisms // *Genetical Research*. 1995. Vol. 66. P. 109 – 126.
27. Reddy K.D., Abraham E.G., Nagaraju J. Microsatellites in the silkworm, *Bombyx mori*: abundance, polymorphism, and strain characterization // *Genome*. 1999. Vol. 42. P. 1057 – 1065.
28. Miao X.X., Xu S.J., Li M.H. et al. Simple sequence repeat-based consensus linkage map of *Bombyx mori* // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005. Vol. 102. P. 16303 – 16308.

29. Nagaraju J., Reddy K.D., Nagaraja G.M., Sethuraman B.N. Comparison of multilocus RFLPs and PCR-based marker systems for genetic analysis of the silkworm, *Bombyx mori* // *Heredity*. 2001. Vol. 86. P. 588 – 597.
30. Lu C., Yu H.S., Xiang Z.H. Molecular systematic studies on Chinese mandarina silkworm (*Bombyx mandarina* M.) and domestic silkworm (*Bombyx mori* L.) // *Scientia Agricultura Sinica*. 2002. Vol. 35. № 1. P. 94 – 101.
31. Chatterjee S. N., Mohandas T. P. Identification of ISSR markers associated with productivity traits in silkworm, *Bombyx mori* L. // *Genome*. 2003. Vol. 46. № 3. P. 438 – 447.
32. Li M.W., Hou C.X., Miao X.X., Xu A.Y., Huang Y.P. Analyzing genetic relationship in *Bombyx mori* using inter simple sequence repeat amplification // *J. of Economic Entomology*. 2007. Vol. 100. P. 202 – 208.
33. Velu D., Ponnuvel K.M., Muthulakshmi M., Sinha R.K., Qadri S.M. Analysis of genetic relationship in mutant silkworm strains of *Bombyx mori* using inter simple sequence repeat (ISSR) markers // *J. of Genetics and Genomics*. 2008. Vol. 35. № 5. P. 291 – 297. DOI: 10.1016/S1673-8527(08)60042-9.
34. Sharma P.C., Grover A., Kahl G. Mining microsatellites in eukaryotic genomes // *Trends in Biotechnology*. 2007. Vol. 25. P. 490 – 498.
35. Romero C., Pedryc A., Muñoz V., Llácer G., Badenes M. L. Genetic diversity of different apricot geographical groups determined by SSR markers // *Genome*. 2003. Vol. 46. P. 244 – 252.
36. Tóth G., Gáspári Z., Jurka J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis // *Genome Research*. 2000. Vol. 10. P. 967 – 981.
37. Mita K., Kasahara M., Sasaki S. et al. The genome sequence of silkworm, *Bombyx mori* // *DNA Research*. 2004. Vol. 11. P. 27 – 35.
38. Prasad M. D., Muthulakshmi M., Madhu M. et al. Survey and analysis of microsatellites in the silkworm, *Bombyx mori*: frequency, distribution, mutations, marker potential and their conservation in heterologous species // *Genetics*. 2005. Vol. 169. P. 197 – 214.
39. Koike Y., Mita K., Suzuki M. G. et al. Genomic sequence of a 320-kb segment of the Z chromosome of *Bombyx mori* containing a kettin ortholog // *Molecular Genetics and Genomics*. 2003. Vol. 269. № 1. P. 137 – 149. DOI: 10.1007/s00438-003-0822-6.
40. Mita K., Morimyo M., Okano K. et al. The construction of an EST database for *Bombyx mori* and its application // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2003. Vol. 100. № 24. P. 14121 – 14126. DOI: 10.1073/pnas.2234984100.
41. Li M., Shen L., Xu A. et al. Genetic diversity among silkworm (*Bombyx mori* L., Lep., Bombycidae) germplasms revealed by microsatellites // *Genome*. 2005. Vol. 48. № 5. P. 802 – 810. DOI: 10.1139/g05-053.
42. Miao X.X., Xu S.J., Li M.H. et al. Simple sequence repeat-based consensus linkage map of *Bombyx mori* // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005. Vol. 102. № 45. P. 16303 – 16308. DOI: 10.1073/pnas.0507794102.
43. Xia Q., Zhou Z., Lu C. et al. A draft sequence for the genome of the domesticated silkworm (*Bombyx mori*) // *Science*. 2004. Vol. 306. P. 1937 – 1940.
44. International Silkworm Genome Consortium. The genome of a lepidopteran model insect, the silkworm *Bombyx mori* // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2008. Vol. 38. № 12. P. 1036 – 1045. DOI: 10.1016/j.ibmb.2008.11.004.
45. Furdui E. M., Mărghițaș L. A., Dezmirean D. S. et al. Genetic characterization of *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae) breeding and hybrid lines with different geographic origins // *J. of Insect Science*. 2014. Vol. 14. P. 211. DOI: 10.1093/jisesa/ieu073.
46. Xia Q., Guo Y., Zhang Z. et al. Complete resequencing of 40 genomes reveals domestication events and genes in silkworm (*Bombyx*) // *Science*. 2009. Vol. 326. № 5951. P. 433 – 436. DOI: 10.1126/science.1176620.
47. Kawamoto M., Jouraku A., Toyoda A. et al. High-quality genome assembly of the silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2019. Vol. 107. P. 1 – 8.
48. Kawamoto M., Kiuchi T., Katsuma S. SilkBase: an integrated transcriptomic and genomic database for *Bombyx mori* and related species // *Database: The J. of Biological Databases and Curation*. 2022. Vol. 2022. P. baac040. DOI: 10.1093/database/baac040.
49. Li W.S., Xiao Y.D., Liu J.Q. et al. The T2T Genome of the Domesticated Silkworm *Bombyx mori* // *International Journal of Molecular Sciences*. 2024. Vol. 25. № 22. P. 12341. DOI: 10.3390/ijms252212341.
50. Xiao R., Yuan Y., Zhu F. et al. Transcriptomics and proteomics-based analysis of heterosis on main economic traits of silkworm, *Bombyx mori* // *J. of Proteomics*. 2020. Vol. 229. P. 103941. DOI: 10.1016/j.jprot.2020.103941.

51. Xiao Y., Li L.L., Bibi A. et al. Role of Bm30kc6 gene in cell apoptosis and the silk gland degradation signaling pathway in *Bombyx mori* L. // *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*. 2020. Vol. 105. № 3. P. e21741. DOI: 10.1002/arch.21741.
52. Zhang Y., Xing Z., Dong H. et al. SV2B is a crucial factor for early larval development in the silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Science*. 2025. Advance online publication. DOI: 10.1111/1744-7917.70070.
53. Zhu J., Chen Y.R., Geng T. et al. A 14-amino acids deletion in BmShadow results to non-moult on the 2nd instar in the bivoltine silkworm, *Bombyx mori* // *Gene*. 2021. Vol. 777. P. 145450. DOI: 10.1016/j.gene.2021.145450.
54. Mei X., Huang T., Chen A. et al. BmC/EBPZ gene is essential for the larval growth and development of silkworm, *Bombyx mori* // *Frontiers in Physiology*. 2024. Vol. 15. P. 1298869. DOI: 10.3389/fphys.2024.1298869.
55. Li C., Zuo W., Tong X. et al. Whole-genome resequencing reveals loci under selection during silkworm improvement // *J. of Animal Breeding and Genetics*. 2021. Vol. 138. № 3. P. 278 – 290. DOI: 10.1111/jbg.12513.
56. Hou S., Tao C., Yang H., Cheng T., Liu C. Sage controls silk gland development by regulating Dfd in *Bombyx mori* // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2021. Vol. 132. P. 103568. DOI: 10.1016/j.ibmb.2021.103568.
57. Luan Y., Li C., Zuo W. et al. Gene mapping reveals the association between tyrosine protein kinase Abl1 and the silk yield of *Bombyx mori* // *Animal Genetics*. 2021. Vol. 52. № 3. P. 342 – 350. DOI: 10.1111/age.13052.
58. Zhao L., Sun X., Wang X. et al. *Bombyx mori* Vps13d is a key gene affecting silk yield // *PLoS One*. 2022. Vol. 17. № 7. P. e0270840. DOI: 10.1371/journal.pone.0270840.
59. Zhang X., Dong Z., Guo K. et al. Identification and functional study of fhx-L1, a major silk component in *Bombyx mori* // *International Journal of Biological Macromolecules*. 2023. Vol. 232. P. 123371. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2023.123371.
60. Sun L., Sun B., Chen L., Ge Q., Chen K. Identification of genes associated with the silk gland size using multi-omics in silkworm (*Bombyx mori*) // *Insect Molecular Biology*. 2024. Vol. 33. № 1. P. 1 – 16. DOI: 10.1111/imb.12870.
61. Yang H., Xu Y., Yuan Y. et al. Identification and function of the Pax gene Bmgsb in the silk gland of *Bombyx mori* // *Insect Molecular Biology*. 2024. Vol. 33. № 3. P. 173 – 184. DOI: 10.1111/imb.12886.
62. Ou Y., Luo Q., Zeng W. et al. BmHR3 Is Essential for Silk Gland Development and Silk Protein Synthesis in Silkworms (*Bombyx mori*) // *Insects*. 2025. Vol. 16. № 4. P. 369. DOI: 10.3390/insects16040369.
63. Tang X., Liu H., Wang X. et al. BmSLC7A5 is essential for silk protein synthesis and larval development in *Bombyx mori* // *Insect Science*. 2024. Vol. 31. № 5. P. 1425 – 1439. DOI: 10.1111/1744-7917.13314.
64. Chen Y., Li J., Niu K. et al. G-quadruplex is involved in the regulation of BmSGF1 expression in the Silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Science*. 2024. Vol. 31. № 5. P. 1440 – 1452. DOI: 10.1111/1744-7917.13334.
65. Liu Y., Li Z., Zhou L. et al. BmPriS promotes silk gland growth by regulating endoreplication in silkworm // *International Journal of Biological Macromolecules*. 2025. Vol. 320. Pt 1. P. 145640. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2025.145640.
66. Luo J.W., An E.X., Lu Y.R. et al. Molecular basis of the silkworm mutant rel causing red egg color and embryonic death // *Insect Science*. 2021. Vol. 28. № 5. P. 1290 – 1299. DOI: 10.1111/1744-7917.12871.
67. Tomihara K., Satta K., Matsuzaki S. et al. Mutations in a  $\beta$ -group of solute carrier gene are responsible for egg and eye coloration of the brown egg 4 (b-4) mutant in the silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2021. Vol. 137. P. 103624. DOI: 10.1016/j.ibmb.2021.103624.
68. Osanai-Futahashi M., Uchino K., Tamura T., Sezutsu H. The red egg gene as a novel effective egg color marker for silkworm transgenesis // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2022. Vol. 143. P. 103728. DOI: 10.1016/j.ibmb.2022.103728.
69. Lu Y., Luo J., An E. et al. Deciphering the Genetic Basis of Silkworm Cocoon Colors Provides New Insights into Biological Coloration and Phenotypic Diversification // *Molecular Biology and Evolution*. 2023. Vol. 40. № 2. P. msad017. DOI: 10.1093/molbev/msad017.
70. Kim S.W., Park J.S., Kim M.J. et al. Complete mitochondrial genome of the highly fecund *Bombyx mori* Linnaeus, 1758 (Lepidoptera: Bombycidae) strain Jam 146 // *Mitochondrial DNA Part B: Resources*. 2021. Vol. 6. № 8. P. 2278 – 2280. DOI: 10.1080/23802359.2021.1920860.
71. Kim M.J., Park J.S., Kim H. et al. Phylogeographic Relationships among *Bombyx mandarina* (Lepidoptera: Bombycidae) Populations and Their Relationships to *B. mori* Inferred from Mitochondrial Genomes // *Biology*. 2022. Vol. 11. № 1. P. 68. DOI: 10.3390/biology11010068.

72. Yokoi K., Tsubota T., Jouraku A., Sezutsu H., Bono H. Reference Transcriptome Data in Silkworm *Bombyx mori* // *Insects*. 2021. Vol. 12. № 6. P. 519. DOI: 10.3390/insects12060519.
73. Tang M., He S., Gong X. et al. High-Quality de novo Chromosome-Level Genome Assembly of a Single *Bombyx mori* With BmNPV Resistance by a Combination of PacBio Long-Read Sequencing, Illumina Short-Read Sequencing, and Hi-C Sequencing // *Frontiers in Genetics*. 2021. Vol. 12. P. 718266. DOI: 10.3389/fgene.2021.718266.
74. Ma Y., Sun Q., Huang L. et al. Genome-wide survey and characterization of transcription factors in the silk gland of the silkworm, *Bombyx mori* // *PLoS One*. 2021. Vol. 16. № 11. P. e0259870. DOI: 10.1371/journal.pone.0259870.
75. Guo M.P., Qian W.L., He X.C. et al. Genome-wide identification of target genes for transcription factor BR-C in the silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Science*. 2021. Vol. 28. № 6. P. 1530 – 1540. DOI: 10.1111/1744-7917.12893.
76. Gul I., Kausar S., You Q. et al. Identification and the immunological role of two Nimrod family genes in the silkworm, *Bombyx mori* // *International Journal of Biological Macromolecules*. 2021. Vol. 193. Pt A. P. 154 – 165. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2021.10.083.
77. Liu F.F., Liu Z., Li H. et al. CTL10 has multiple functions in the innate immune responses of the silkworm, *Bombyx mori* // *Developmental and Comparative Immunology*. 2022. Vol. 127. P. 104309. DOI: 10.1016/j.dci.2021.104309.
78. Xu X., Wang Y., Chen J. et al. Mutation of Serine protease 1 Induces Male Sterility in *Bombyx mori* // *Frontiers in Physiology*. 2022. Vol. 13. P. 828859. DOI: 10.3389/fphys.2022.828859.
79. Yang X., Chen D., Zheng S. et al. BmHen1 is essential for eupyrene sperm development in *Bombyx mori* but PIWI proteins are not // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2022. Vol. 151. P. 103874. DOI: 10.1016/j.ibmb.2022.103874.
80. Liu X., Zhang L., Zhang N. et al. CRISPR/Cas9-mediated Nap knockout affects female reproduction and egg shape in *Bombyx mori* // *Insect Molecular Biology*. 2024. Vol. 33. № 6. P. 722 – 731. DOI: 10.1111/imb.12937.
81. Chu J., Zhao M., Hu X. et al. Soluble Guanylate Cyclase  $\alpha 1$  Gene Influences Egg-Laying Amount and Hatching Rate in *Bombyx mori* // *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*. 2024. Vol. 117. № 1. P. e22153. DOI: 10.1002/arch.22153.
82. Xing Z., Lu T., Deng Y. et al. DGAT1-mediated lipid metabolism is essential for female reproduction in the silkworm, *Bombyx mori* // *Pest Management Science*. 2025. Advance online publication. DOI: 10.1002/ps.70118.
83. Homma S., Murata A., Ikegami M. et al. Circadian Clock Genes Regulate Temperature-Dependent Diapause Induction in Silkworm *Bombyx mori* // *Frontiers in Physiology*. 2022. Vol. 13. P. 863380. DOI: 10.3389/fphys.2022.863380.
84. Tobita H., Kiuchi T. Knockout of cryptochrome 1 disrupts circadian rhythm and photoperiodic diapause induction in the silkworm, *Bombyx mori* // *Insect Biochemistry and Molecular Biology*. 2024. Vol. 172. P. 104153. DOI: 10.1016/j.ibmb.2024.104153.
85. Fan B., Chen Y., Yasen A. et al. BmINR and BmAC6 genes involve in diapause regulation via the insulin/IGF signaling pathway in the silkworm (*Bombyx mori*) // *Gene*. 2023. Vol. 881. P. 147626. DOI: 10.1016/j.gene.2023.147626.
86. Guo H., Chen F., Zhou M. et al. CRISPR-Cas9-Mediated Mutation of Methyltransferase METTL4 Results in Embryonic Defects in Silkworm *Bombyx mori* // *International Journal of Molecular Sciences*. 2023. Vol. 24. № 4. P. 3468. DOI: 10.3390/ijms24043468.
87. Liu Z., Li C., Yang W. et al. The *Bombyx mori* *singed* Gene Is Involved in the High-Temperature Resistance of Silkworms // *Insects*. 2024. Vol. 15. № 4. P. 264. DOI: 10.3390/insects15040264.

УДК 631.12.055

## Использование биомаркеров молока для оценки продуктивных качеств и физиологического статуса коров

Лашнева И.А.<sup>1</sup>, Сермягин А.А.<sup>2</sup><sup>1</sup> ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Московская обл., Россия<sup>2</sup> ВНИИГРЖ — филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Санкт-Петербург, Россия

**Аннотация.** Молоко является не только важным источником питательных элементов для человека, его компонентный состав или, точнее, изменения состава, отражает метаболический статус и состояние здоровья животного. Отдельные показатели молока могут быть предложены в качестве биомаркеров, отражающих энергетический статус коровы, процессы метаболизма, состояние здоровья и питательность рациона, а также служить простым инструментом в оценке менеджмента стада, отвечающих за формирование и последующую реализацию продуктивности особей. Введение дополнительных параметров оценки количественного и качественного состава молока коров должно положительно отразиться на реализации генетической ценности животного, увеличения срока продуктивного использования и качества получаемой продукции.

На молочную продуктивность и качественный состав молока оказывают влияние множество факторов и использование инфракрасной Фурье-спектроскопии для разработки инструментов управления и селекции для молочных хозяйств открывает большие возможности как более простой и надежный метод, позволяющий проводить мониторинг стада во время контрольных доений с учетом сбора индивидуальных данных по каждому животному.

В представленной статье рассмотрены функциональные параметры биомаркеров молока коров, возможности их практического внедрения, научная значимость и перспективность включения в научные исследования.

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, состав молока, физиологический статус, биомаркеры молока, инфракрасная Фурье-спектроскопия..

**Для цитирования:** Лашнева И.С., Сермягин А.А. Использование биомаркеров молока для оценки продуктивных качеств и физиологического статуса коров // Успехи наук о животных. 2025. № 3. С. 52—73. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.004

## Use of milk biomarkers to assess productive qualities and physiological status of cows

I.A. Lasneva<sup>1</sup>, A.A. Sermyagin<sup>2</sup><sup>1</sup> L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry  
Moscow Region, Russia<sup>2</sup> 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.** Milk is an important source of nutrients for humans. Changes in the component composition of milk reflect the metabolic status and health status of cows. Specific milk parameters can be used as biomarkers reflecting cows' energy status, metabolic processes, health status and nutritional value of the diet. Biomarkers can serve as a simple tool in assessing herd management responsible for the formation and subsequent implementation of cow productivity. The introduction of additional parameters for assessing the quantitative and qualitative composition of cows' milk should have a positive impact on the realization of the genetic value of the animal, extending the period of productive use and the quality of the resulting product.

Milk productivity and the quality composition of milk depend on many factors. The use of Fourier-transform infrared spectroscopy for the development of management and selection tools for dairy farms provides great opportunities as a simpler and more reliable method that allows monitoring of the herd during control milkings, taking into account the collection of individual data for each cow.

The presented article discusses the functional parameters of cow milk biomarkers, the possibilities of their practical implementation, scientific significance and prospects for inclusion in scientific research.

**Keywords:** cattle, milk composition, physiological status, milk biomarkers, Fourier-transform infrared spectroscopy.

**For citation:** Lashneva IS, Sermyagin AA. Use of milk biomarkers to assess productive qualities and physiological status of cows. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 3: 52—73. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.004

**Введение.** Одним из ключевых факторов рентабельности молочного скотоводства на сегодняшний день остается повышение молочной продуктивности дойного стада. Однако, увеличение продуктивности нередко ведет к напряженности физиологического статуса организма коров, метаболическому стрессу и, как следствие, снижению качественных показателей молока [1, 2].

Основным проблемам молочного скотоводства являются мастит, трудности воспроизводства стада, отрицательный энергетический баланс и связанные с ним метаболические нарушения. Дефицит энергии можно рассматривать как центральную проблему, поскольку почти все дойные коровы после отела переживают период отрицательного энергетического баланса [3]. Проблемы с фертильностью, такие как нарушение полового цикла, удлиненная лютеиновая фаза, яловость, невозможность сохранения стельности, послеродовые сопутствующие заболевания также являются важными проблемами, затрагивающими особенно высокопродуктивных молочных коров [4], приводящими зачастую к раннему выбытию из стада. Самым распространенным заболеванием в молочном животноводстве остается мастит. Диагностика возникновения мастита, определение субклинической или клинической форм в молочных стадах и своевременное проведение ветеринарных мероприятий являются важными задачами. Все формы мастита влекут за собой экономические убытки для хозяйства, так как наличие заболевания в стаде влияет на молочную продуктивность коров, вызывают неблагоприятные изменения состава молока и его физико-химических свойств, что отрицательно сказывается на качестве сборного молока и продуктов его переработки [5-7].

В зарубежной литературе встречается множество исследований, посвященных анализу компонентного состава молока коров с использованием инфракрасной спектроскопии [8-11]. Данные работы носят популяционный характер и нацелены на более детальное изучение показателей молока и их изменчивости под влиянием генетических и средовых факторов. Отмечается множество исследований по жирнокислотному составу молока коров и механизмам их синтеза в организме, определению метаболитов обмена веществ в молоке (мочевина, ацетон, БГБ) для прогнозирования физиологического статуса животных, а также контролю за количеством соматических клеток [12-16]. Зарубежными исследователями последние годы широко внедряется использование показателя дифференциации соматических клеток по их морфологическим видам (лейкоциты, полиморфноядерные нейтрофилы, макрофаги). Данный метод оценки состояния молочной железы коров позволяет повысить точность выявления наличия воспалительного процесса и определения формы заболевания маститом [17-21]. В нашей стране работы по анализу дифференциации соматических клеток в молоке ранее не встречались. Для поиска генетических маркеров, а также локусов количественных признаков, детерминирующих изменчивость состава молока и количества соматических клеток в нем, все большую актуальность приобретает метод полногеномных ассоциативных исследований [22-25]. Понимание механизмов регулирования продуктивных качеств животных на уровне генома открывает новые пути в разведении и селекции молочного скота.

Введение дополнительных параметров оценки количественного и качественного состава молока коров должно положительным образом отразиться на реализации генетического потенциала животного. Это возможно осуществить за счет контроля и коррекции средовых условий для нормализации обмена веществ, улучшения воспроизводительных качеств, удлинения срока продуктивного использования [12, 26-29].

Наиболее актуальной задачей в селекции молочного скота на сегодняшний момент остается повышение белкомолочности в связи с общим дефицитом белка в рационе людей, а также постоянно растущим его потреблением в мире. Немаловажным остается и традиционный отбор животных по жирномолочности, который обеспечивает

удовлетворение рынка по основным продуктам питания: сливочное масло, сметана, сливки и сектор мягких сыров. Вместе с этим увеличение продуктивности ведет к напряженности физиологического статуса организма коров, метаболическому стрессу [1, 2].

Таким образом, популяционный мониторинг может помочь в отборе наиболее устойчивых и адаптированных животных во взаимодействии «генотип-среда». Контроль компонентного состава молока позволит более детально разобраться в процессах обмена веществ.

Поиск потенциальных биомаркеров, отвечающих за формирование и последующую реализацию продуктивности особей, их функциональных качеств и здоровья вымени представляется одной из наиболее значимых задач настоящих исследований. Коллегией Евразийской экономической комиссии (ЕЭК) в 2023 году внесены изменения в методику оценки племенной ценности скота молочного направления продуктивности, которые дополняют перечень селекционируемых признаков, включив соматические клетки как показатель здоровья вымени. В этой связи, использование инфракрасных спектров среднего диапазона излучения для массового скрининга количественных и качественных параметров молока коров представляется актуальным.

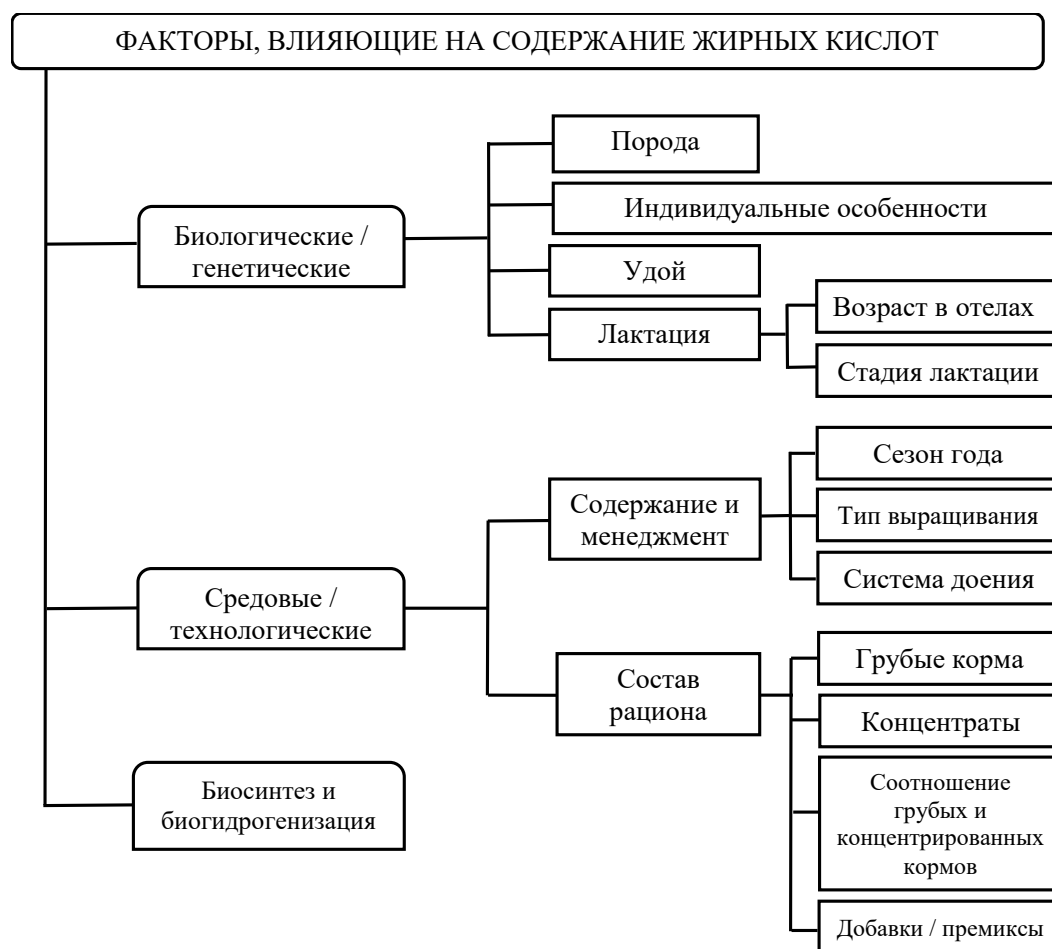
**Характеристика основных компонентов молока коров, включая количество соматических клеток, и факторы, влияющие на его состав.** Молоко представляет собой сложное биологическое вещество, состоящее из различных групп питательных и технологически значимых компонентов. Состав и соотношение качественных компонентов молока определяют его пищевую ценность и пригодность к переработке.

На состав и свойства молока оказывают влияние множество факторов, таких как генетика (порода), индивидуальные и физиологические особенности животного (возраст, стадия лактации, метаболический статус), факторы окружающей среды. Долгие годы мировая и отечественная селекция скота была направлена на увеличение молочной продуктивности как главной составляющей экономической эффективности производства. В настоящее время совокупное увеличение удоя, улучшение качества молока и функциональных признаков животных (долголетие, фертильность, здоровье) являются основной целью многих программ разведения [30-32].

Физико-химические, органолептические и технологические свойства молока можно охарактеризовать как динамическую систему, чувствительную к изменениям внешней среды, в связи с чем вопросы содержания, доения и кормления остаются важными и актуальными в задачах многих исследований [33].

По химическому составу молоко содержит порядка 250 истинных (образованных в организме животного) компонентов, среди которых выделяют ряд главных, наиболее значимых из них: массовая доля жира, белка и лактозы, молярная концентрация мочевины, следы бетагидроксипутирата и ацетона, и др. Состав молока имеет большое значение для молочного животноводства, так как он определяет экономическую ценность молока и позволяет получить важную информацию о физиологическом статусе коровы. Современные методы измерения компонентов молока во время доения позволяют получить информацию о текущем состоянии здоровья и продуктивности каждой коровы в отдельности при общем мониторинге стада в целом, что дает возможность повышения эффективности менеджмента или управления [34].

**Содержание жира в молоке** может варьироваться примерно от 3,0 до 6,0%, но обычно находится в диапазоне от 3,5 до 4,7%. Около 98% жира составляют триглицериды, представляющие собой сложную смесь и значительно различающиеся по молекулярной массе, именно они оказывают существенное и прямое влияние на свойства молочного жира, например, такие как гидрофобность, плотность, характеристика плавления, степень ненасыщенности (рис. 1).



**Рисунок 1.** Схематическое изображение комплекса генетических и средовых факторов, определяющих изменчивость жирных кислот в молоке (в модификации, цит. по Hanuš O., 2018)

Молочный жир имеет самый сложный жирнокислотный состав среди пищевых жиров. В нем идентифицировано более 400 отдельных жирных кислот. Однако примерно от 15 до 20 жирных кислот составляют 90% молочного жира [35, 36]. Существует два пути образования жирных кислот: с использованием «de novo» превращения и метаболического синтеза (из корма и/или запасов организма животного). Короткоцепочечные ЖК (КЦЖК, C4...C10) синтезируются «de novo» в молочной железе из субстратов обмена веществ (ацетат и бета-гидроксибутират). Длинноцепочечные ЖК (ДЦЖК, C17...C22) поступают в организм животного вместе с кормом, либо мобилизуются напрямую из жирового депо тела коровы. Среднецепочечные ЖК (С12...С16) могут образовываться как первым способом, так и вторым. В целом, всего около 50% жирных кислот в молоке синтезируются в молочной железе, остальные же образуются путем метаболического синтеза непосредственно из крови [37-39]. Влияние бактериальной микрофлоры рубца на вариabельность ЖК в молоке коров голштинской породы составляет от 26 до 42% для ЖК с нечетным числом атомов углерода и вариантам полиненасыщенных C18 ЖК [40].

На баланс профиля жирных кислот в молоке можно повлиять при помощи кормления. Поступающие с кормом липиды подвергаются двум важным микробным превращениям в рубце: липолизу и биогидрогенизации (распад двойных углеродных связей ЖК при воздействии метаболического водорода). Пищевые липиды, если они не защищены, быстро и почти полностью гидролизуются до глицерина и свободных (или не этерифицированных) жирных кислот (НЭЖК) с помощью липаз разных штаммов бактерий. Этот процесс называется липолизом. Глицерин ображивается до летучих или короткоцепочечных жирных

кислот, главным образом, пропионата и бутирата, которые всасываются через стенку рубца и могут в конечном итоге использоваться в качестве прекурсоров для синтеза «de novo» коротко- и среднецепочечных ЖК в молочной железе [38]. Высвободившиеся ЖК подвергаются последующему биогидрогенизированию и/или используются для синтеза микробных липидов.

Ненасыщенные ЖК, высвобождаемые при синтезе в рубце, подвергаются быстрому и интенсивному биогидрогенизированию их двойных связей, в результате чего образуются насыщенные ЖК. Первым этапом служит реакция изомеризации, которая превращает двойную связь цис-12 в транс-11-изомер, катализируемый изомеразой.

В процессе биогидрогенизации полиненасыщенных (ПНЖК) и изомеризации мононенасыщенных ЖК (МНЖК) в рубце образуются транс-изомеры жирных кислот. По мнению ряда зарубежных исследователей, продукты изомеризации транс-формы ЖК могут блокировать на уровне обмена веществ механизмы экспрессии генов, сопряженные с липидными соединениями, что в дальнейшем отрицательно сказывается на жирномолочности [41-43].

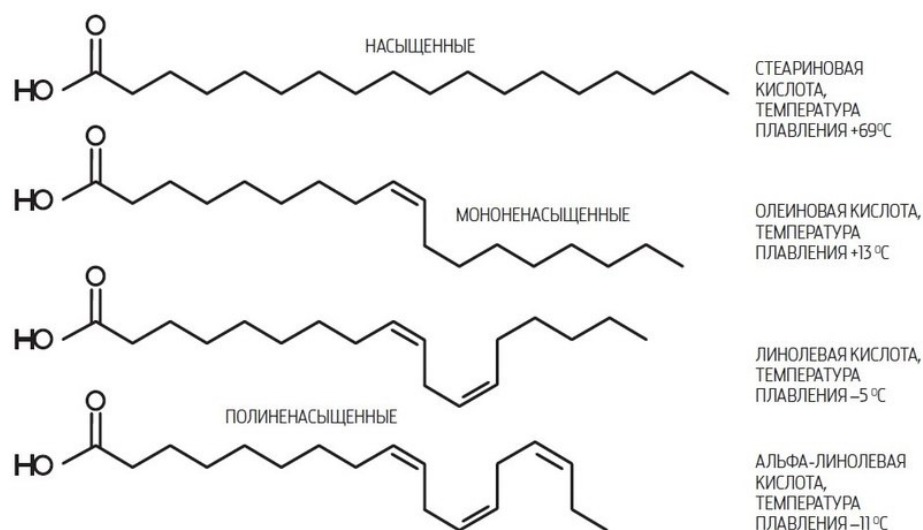
Существует также интерес к роли транс-изомеров олеиновой ЖК (18:1) в возникновении депрессии молочного жира или критическом снижении выхода молочного жира (milk fat depression, MFD). Таким образом, теоретически определены причины, объясняющие MFD [44]:

1) нарушение ферментативных процессов в рубце связано с образованием чрезмерного количества ацетата и бутирата для синтеза молочного жира;

2) положительная динамика синтеза пропионата в рубце, как предшественника глюкозы, и процесса глюконеогенеза в печени приводит к возрастанию циркулирующего инсулина при нехватке потребляемого инсулина для мышечной и жировой ткани как основы для синтеза молочного жира в вымени коровы;

3) синтез молочного жира может блокироваться уникальными жирными кислотами (например, конъюгированной линолевой и/или вакценовой кислотами), которые образуются в процессе распада и насыщения атомами водорода двойных связей ЖК.

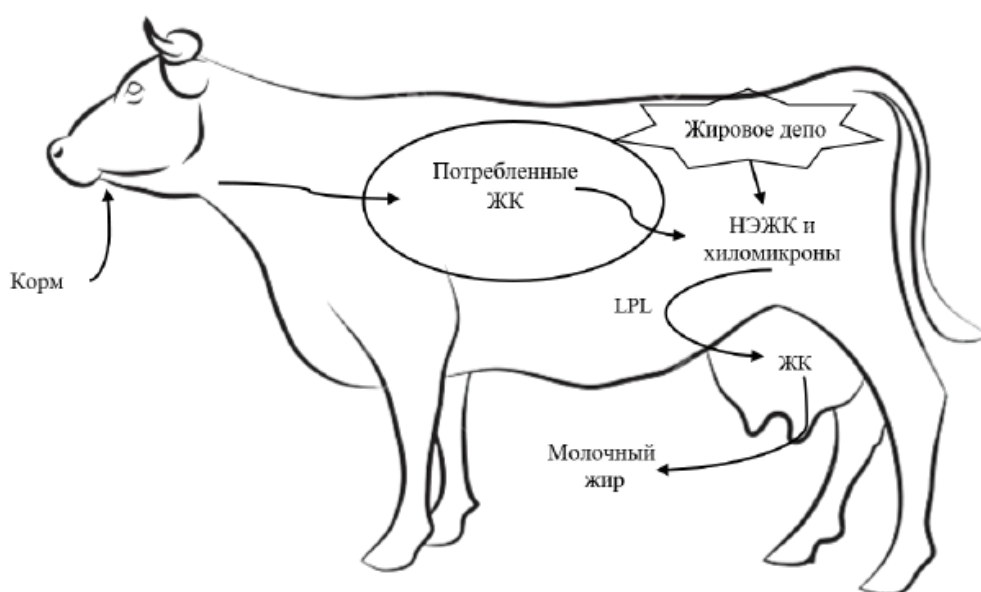
**Основные жирные кислоты** в молочном жире представляют собой насыщенные жирные кислоты с прямой цепью, содержащие от 4 до 18 атомов углерода (4:0, 6:0, 8:0, 10:0, 12:0, 14:0, 16:0, 18:0), мононенасыщенные жирные кислоты (16:1, 18:1) и полиненасыщенные жирные кислоты (18:2, 18:3) (рис. 2).



**Рисунок 2.** Химическая структура жирных кислот по длине углеродной цепи и числу двойных связей

Некоторые из жирных кислот содержатся в очень малых количествах, но вносят свой вклад в уникальный и желательный вкус молочного жира и масла. Например,  $\beta$ -гидроксижирные кислоты – C14:0 и C16:0, самопроизвольно образуют лактоны при нагревании, которые усиливают вкус сливочного масла [45, 46].

Жирнокислотный состав молочного жира не является постоянным на протяжении всего лактационного периода коровы. Жирные кислоты длиной от 4 до 14 атомов углерода образуются в молочной железе животного. Некоторые из 16-углеродных жирных кислот также синтезируются животными, а некоторые поступают с потребленным скотом кормом. Изменение жирнокислотного состава молока также обусловлено стадией лактации и энергетическими потребностями животного (рис. 3).



**Рисунок 3.** Образование жирных кислот в организме коровы

В начале лактации энергия для поддержания жизнедеятельности коровы используется в основном из запасов тела (жировое депо), и количество жирных кислот, доступных для синтеза жира, ограничено. Поэтому ряд длинноцепочечных жирных кислот (16:0, 18:0, 16:1 и 18:2), синтезируются из питательных веществ, поступающих с кормом. Позднее во время лактации в молочной железе образуется больше жирных кислот молока, так что концентрация короткоцепочечных жирных кислот, таких как 4:0 и 6:0, выше, чем в начале лактации. Эти изменения в составе жирных кислот не оказывают большого влияния на питательные свойства молока, но могут иметь некоторое влияние на характеристики переработки таких продуктов, как масло, сыр, сметана и др.

**Белки молока** содержат все 9 незаменимых аминокислот, необходимых человеку. Они синтезируются в молочной железе, но 60% аминокислот, используемых для построения белков, коровы получают с потребленным кормом. Содержание общего молочного белка и аминокислотный состав варьируются в зависимости от породы коровы и индивидуальных генетических особенностей животных. В коровьем молоке примерно 82% молочного белка составляет казеин, а остальные 18% – сывороточный белок [47].

**Лактоза** составляет основную часть сухого обезжиренного молочного остатка, учитываемого при определении сортности товарной продукции. Образование лактозы происходит в эпителиальной ткани молочной железы, синтезируется независимо от объема синтеза белка и жира и колебания ее концентрации в молоке значительно ниже [48]. Низкую вариабельность содержания лактозы в молоке связывают с физиологическими процессами

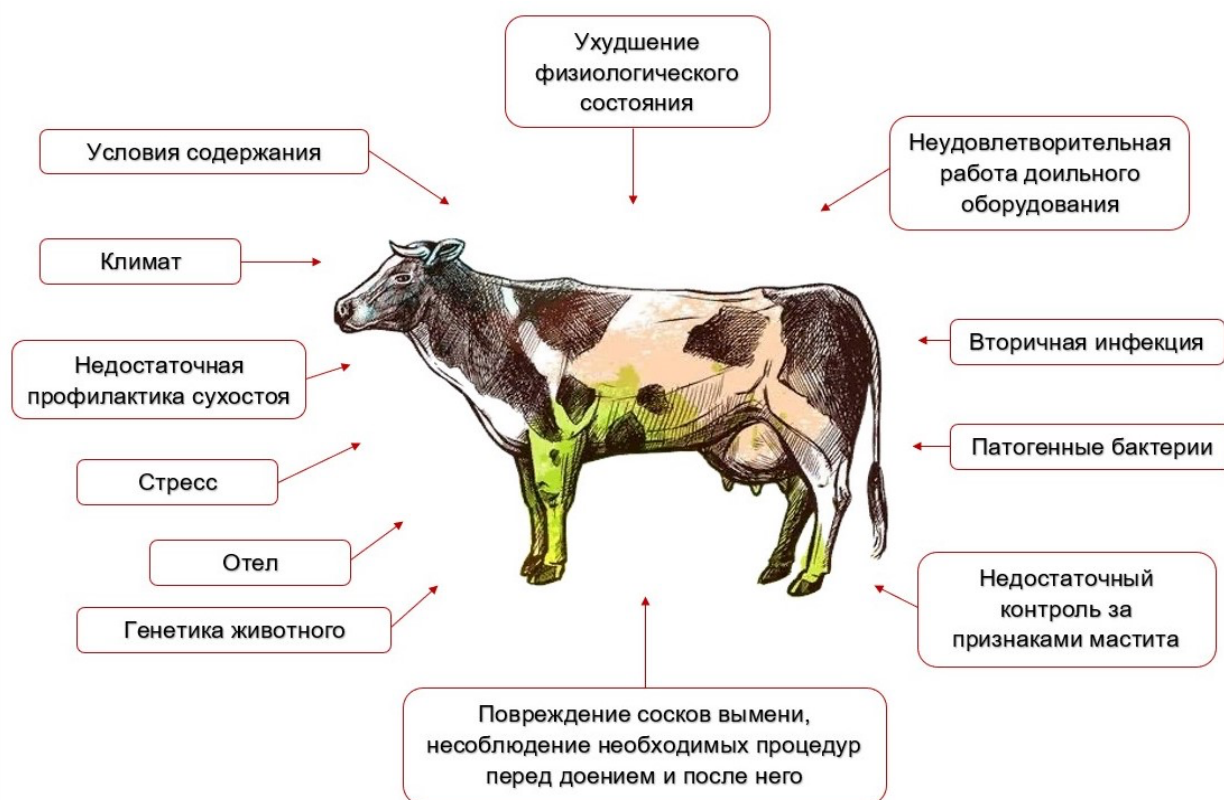
в молочной железе, а также отмечают отрицательные генетические и фенотипические корреляции с числом соматических клеток и маститом, в связи с чем изменения лактозы в молоке в течение жизни коровы рассматривают как «индикатор памяти молочной железы» [28, 49].

**Мочевина** синтезируется в печени животного и ее количество в крови, плазме, моче и молоке связано с процентным содержанием казеина и энергетическим содержанием корма [50]. Мочевина представляет интерес в качестве параметра оценки сбалансированности белковой питательности рациона: соотношение содержания белка и мочевины в молоке характеризует избыток или недостаток протеина в корме. Баланс рубцового пищеварения имеет основополагающее значение не только для получения оптимальной продукции с качественной и количественной точки зрения, но и для гарантии состояния здоровья и благополучия животных [13, 51, 52]. Мочевина молока является признаком с низкой наследуемостью и повторяемостью, ее корреляции с другими показателями молочной продуктивности колеблются от низкой до умеренной [16, 53].

Наравне с контролем содержания в молоке мочевины для оценки энергетического статуса коровы немаловажное значение имеют концентрации (следы) **бета-гидроксibuтирата (БГБ)** и **ацетона**. Метаболические нарушения чаще всего происходят в начале лактации и связаны с физиологическими процессами молокообразования и возрастающей нагрузкой на организм коровы. При отсутствии восполнения энергетической потребности молочных коров сбалансированностью рациона возникает риск истощения резервов организма на восполнение дефицита энергии животного, что, в свою очередь, может привести к так называемому отрицательному энергетическому статусу. Такое физиологическое состояние с течением времени может привести к ряду проблем со здоровьем и фертильностью. Отслеживание в молоке концентраций вышеуказанных метаболитов может помочь в вопросе мониторинга физиологического статуса коровы в течение всей лактации [12, 15, 54, 55].

Отдельным параметром можно выделить такой показатель как **содержание соматических клеток** в молоке. Количество соматических клеток (КСК) представляет собой общее число клеток, детектируемых в молоке, и является ключевым индикатором, который используется для выявления случаев возникновения мастита субклинической и клинической форм в молочных стадах. Все формы мастита влияют на молочную продуктивность, вызывают неблагоприятные изменения состава молока и его физико-химических свойств, что отрицательно сказывается на качестве сборного молока и продуктов его переработки: нарушение структурно-механических свойств снижает качество молочных продуктов, так как повышается вероятность возрастания содержания влаги, появляется горький вкус, снижается пригодность консистенции [5, 56, 57].

Стоит отметить, что состояние здоровья молочной железы (вымени) коров значительно улучшилось за последние 40 лет, но мастит по-прежнему наносит огромный экономический ущерб молочному скотоводству. Проблема в том, что мастит является сложным заболеванием, на которое влияют различные факторы, такие как окружающая среда, содержание и кормление коров, генетические факторы. Кроме того, патогенные микроорганизмы, вызывающие мастит, постоянно развиваются, и для этого необходима корректировка программы лечения мастита. Современная популяция молочного скота отличается более высокой молочной продуктивностью, чем было, например, 20-30 лет назад, поэтому требует другого типа управления менеджментом в стаде, принятием новых селекционных решений [57, 58]. На рисунке 4 нами представлен перечень факторов, которые в наибольшей степени способствуют нарушению функции молочной железы коров и возникновению у них мастита и, как следствие, повышению количества соматических клеток в молоке, включая их дифференциацию по видам.



**Рисунок 4.** Схематизация факторов, способствующих возникновению мастита у коров молочного и молочно-мясного направления продуктивности

Так, по данным исследований ФИЦ ВИЖ им Л.К. Эрнста [59], животные с повышенным числом соматических клеток в молоке коров показывали снижение молочной продуктивности за лактацию у животных с градацией КСК от 201 до 500 тыс.ед/мл или 274 кг молока (4% за лактацию) по сравнению с группой коров по КСК до 200 тыс.ед/мл; для уровня от 501 до 1000 тыс./мл данная зависимость увеличивалась до 5% (-348 кг) достигая максимума падения продуктивности коров в 5,9% (-408 кг) при величине соматики свыше 1001 тыс.ед/мл. Стоит отметить, что массовая доля белка в молоке у животных была выше на +0,19%, при содержании КСК > 1000 тыс.ед/мл., что косвенно свидетельствует об изменении физико-химического состава молока коров [59].

Клетки в молоке в основном состоят из **лимфоцитов, макрофагов и полиморфноядерных нейтрофилов** (ПМН) и ряд исследований показал, что помимо определения общего КСК, включение в анализ дифференциации их числа (ДКСК) дает более точное описание состояния здоровья вымени молочных коров и диагностики или прогнозирования возникновения маститов [60-62].

Эти три основные популяции клеток, определяющиеся в молоке, наиболее точно отображают наличие воспалительных процессов в молочной железе [63, 64]. Лимфоциты как главные клетки иммунной системы отвечают за регуляцию индукции и запуск защитных иммунных реакций. Макрофаги распознают патогены инвазии мастита и запускают иммунный ответ, путем активации массивного притока полиморфноядерных нейтрофилов (ПМН). Помимо этого, макрофаги поглощают бактерии, клеточный мусор и скопившиеся компоненты молока и осуществляют восстановление тканей. Также клетки ПМН защищают от проникновения патогенных бактерий в молочную железу в начале воспалительного процесса [65].

При возникновении мастита изменяется не только общее число соматических клеток, но и соотношение содержания иммунных клеток. Молоко от здоровых животных

имеет низкое содержание КСК, которые дифференцируются в основном на макрофаги и лимфоциты [17, 66, 67]. Однако, когда содержание КСК возрастает, в молоке ПМН детерминируются как преобладающая популяция клеток, что сигнализирует о наличии какого-либо инфекционного процесса [68]. Повышенное содержание соматических клеток в молоке также может быть связано со стадией лактации (периоды после отела, пик лактации, запуск), поэтому включение дифференциации числа клеток в молоке является более точным инструментом выявления наличия воспалительных процессов в вымени и определения формы и/или стадии заболевания.

**Влияние средовых факторов, определяющих изменчивость компонентного состава молока коров.** На молочную продуктивность и качественный состав молока оказывают влияние множество факторов. Фенотипические факторы можно условно разделить на три группы: физиологические – порода, стадия лактации, возраст, состояние здоровья, индивидуальные особенности; паратипические – кормление, условия и технология содержания животных, сезон года; факторы, связанные с процессом получения молока – частота и кратность доения, полнота выдаивания, массаж вымени, квалификация оператора машинного доения.

Компонентный состав молока в достаточной мере подвержен влиянию факторов окружающей среды, в этой связи определение биомаркеров состава молока как фенотипических маркеров, отражающих энергетический статус коровы, процессы метаболизма, состояние здоровья и питательность рациона, могут служить простым инструментом в оценке менеджмента стада.

Одним из ключевых факторов является **кормление и качество кормов**. Сбалансированный рацион питания коров непосредственно влияет как на молочную продуктивность, так и на органолептические, физические, химические и технологические показатели молока. Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных, разработанные на основе исследований состава и питательности кормов, определения потребностей животных в питательных веществах и энергии с учетом их физиологического состояния и уровня продуктивности, изучение условий, обеспечивающих наилучшее использование кормов, разработку типовых рационов, включая технику кормления и технологию приготовления кормов, постоянно совершенствуются и дополняются с учетом новых достижений в селекции скота [69-71].

Множество исследований посвящены изучению включения в рацион различных кормовых добавок и их влияние на молочную продуктивность и компоненты состава молока [72, 73]. В настоящее время помимо увеличения надоев, повышения содержания белка и жира в молоке все больше внимания уделяется качественным параметрам состава молока. Изучение влияния добавок на структурный состав молочного жира и соотношение жирных кислот широко исследуется зарубежными и отечественными авторами [71, 74] как один из возможных инструментов повышения питательной ценности получаемого молока с улучшенными технологическими качествами для дальнейшей переработки.

Изменения компонентного состава молока зависят от **стадии лактации**. Продолжительность стандартной лактации у коров в среднем составляет 305 дней и подразделяется на три периода: в первые 5 – 10 дней после отела выделяется молозиво, после чего начинается период выделения «нормального» (пригодного для реализации и переработки) молока, продолжительность которого составляет 277-285 дней. Молоко, получаемое после этого периода, считается стародойным, его качественный состав и технологические свойства начинают заметно изменяться к окончанию лактации [75].

В совокупности кроме влияния средовых факторов (стадия лактации, рацион кормления, условия содержания и доения и т. д.) могут так же происходить **сезонные изменения** содержания основных компонентов молока и его технологических свойств. Ряд

показателей, таких как содержание мочевины, ацетона, бета-гидроксимасляной кислоты, точка замерзания отражают реакцию животного на изменение рациона и метаболические нарушения в организме животного. Молочная железа коров до 90% подвержена влиянию средовых условий (включая бактерии из рода стафилококков) и число соматических клеток в молоке зависит от состояния здоровья животного, стадии лактации, условий содержания и технологии доения [76].

Совокупность мер по организации менеджмента стада (кормления, содержания и доения), своевременному проведению ветеринарных мероприятий и контролем за благополучием животных (физиологическим состоянием) могут способствовать достижению максимальных результатов реализации продуктивного и генетического потенциала животных.

**Влияние генетических факторов на белковую и жировую фракции, количество соматических клеток в молоке коров.** Генетическая изменчивость большинства компонентов молока колеблется от 5 до 40%. Однако, популяционный мониторинг может помочь в отборе наиболее устойчивых и адаптированных животных с генетической точки зрения. Перспективность использования геномной информации является важным элементом для совершенствования популяций молочного скота по признакам здоровья (включая количество соматических клеток) и биомаркерам молока с использованием поиска значимых регионов в геноме или локусов количественных признаков. Изучение генетической и геномной изменчивости признаков молочной продуктивности представляет большой интерес для повышения эффективности управления отбором животных и поиска информативных ДНК-маркеров, связанных с компонентным составом молока.

Исследования по идентификации отдельных каузальных нуклеотидов (точечных мутаций) для количественных признаков (QTN) молочной продуктивности, наравне со множеством известных некодирующих полиморфных замен (SNP) могут помочь в повышении точности детекции соответствующих причинных мутаций.

Ряд исследований по поиску SNP, достоверно ассоциированных с хозяйственно-полезными признаками скота, обнаружили значимые полиморфизмы, детектированные на 5-й, 6-й, 9-й, 14-й, 15-й и 20-й хромосомах. Наибольшую генетическую дисперсию по показателям молочной продуктивности имели точечные мутации, расположенные близко, либо внутри генов *DGAT1* (BTA14), *GHR* (BTA20), *ABCG2* (BTA6) [77-79]. В то же время для низконаследуемых признаков (например, возраст 1-го отела и продолжительность сервис-периода) также были обнаружены регионы на 21-й хромосоме (47-59 млн.п.н.) с генами *FAM181A*, *SLC24A4* и *NKX21* [80].

Результаты исследований по признакам состава молока, мяса крупного и мелкого рогатого скота (протеиновая фракция, жирные кислоты) показали наличие тесной связи с некоторыми QTL-регионами в геноме [81-83]. Данное направление исследований весьма актуально для понимания процессов синтеза первичных структурных элементов и поиска метаболических путей регуляции количественных признаков у животных. При селекционном контроле состава молока коров наибольший интерес представляют экономические показатели: массовая доля жира и белка, количество соматических клеток [84].

В последнее время значимое место отводится индикаторам здоровья животных в стадах, которые можно опосредованно определить по составу молока [85]. Введение дополнительных параметров оценки количественного и качественного состава молока коров (следы ацетона и бета-гидроксимасляной кислоты, содержание мочевины) должно положительно отразиться на реализации генетической ценности животного за счет нормализации обмена веществ (ацидоз, кетоз), улучшения фертильности, удлинения срока продуктивного использования и качества получаемой продукции [12].

Анализ генетических параметров содержания лактозы, сухого вещества (СВ) и сухого обезжиренного молочного остатка (СОМО) в молоке коров показал перспективность использования этих признаков в селекции: для лактозы –  $h^2 = 0,281-0,340$ , СВ –  $h^2 = 0,298$ , СОМО –  $h^2 = 0,20-0,30$  [86, 87].

Для концентрации мочевины в молоке, характеризующей баланс между энергией рациона и потреблением протеина животным, также показана детерминированность его генотипом ( $h^2$  от 0,072 до 0,130-0,220) [88].

В связи со значительным влиянием на точку замерзания (ТЗ) паратипических факторов (возраст животного, месяц года, стадия лактации, размер стада, система доения) значение наследуемости по сообщениям исследователей не превышает  $h^2 = 0,120$  [89, 90]. Однако ТЗ является одним из показателей, который можно использовать для оценки воздействия средовых факторов на изменение функционального состояния коровы. Контроль компонентного состава молока коров по большому числу показателей позволит глубже понять процессы обмена веществ в организме с целью поиска генетических механизмов регуляции метаболизма.

Изучение полногеномных ассоциаций для анализа состава жира в молоке коров голштинской и джерсейской пород датского происхождения была представлена в работе Buitenhuis A.J. [23]. В этом исследовании использовалась база метаболических путей KEGG (биоинформатический ресурс для анализа геномов, Корея) на основе процедуры генотипирования на биочипах высокой плотности (777K). Увеличение плотности SNP (уменьшение расстояния между ними) по сравнению со стандартными панелями 50K (Illumina) позволяет усилить нахождение QTL и повысить точность картирования для низконаследуемых признаков по ряду биомаркеров молока.

В исследованиях молочной продуктивности крупного рогатого скота часто определяется ген-кандидат – *DGAT1*, который связан с некоторыми хозяйственно-полезными признаками. Однако, его экспрессия играет не столь заметную роль в жировом составе молока, что еще раз объясняет сложность определения наследования данного признака. Вместе с тем есть ряд генов, которые взаимосвязаны с отдельными жирными кислотами, например, *SCD*, участвующий в образовании кислот C10:0 в C18:0, и *ACSS3*, играющий роль в активации и внутриклеточном переносе жирных кислот.

Интересным результатом в работе Buitenhuis A.J. [23] являлось также то, что одни и те же полиморфизмы были ассоциированы с индивидуальными жирными кислотами в обеих породах (голштинской и джерсейской), что четко указывает на процесс регуляции синтеза жирных кислот одними и теми же генами. Что касается использования метаболических путей, то путь KEGG00400 (биосинтез фенилаланина, тирозина и триптофана) был среди наиболее значимых в обеих породах. После изучения биологических процессов внутри этого пути, было установлено, что тирозин за несколько этапов распадается до фумарата и ацетоацетата. Последний является кетоновым телом, которое может конвертироваться в ацетил-СоА – прекурсор для синтеза жирных кислот.

Не менее актуальной задачей в селекции молочного скота является повышение белкомолочности в связи с общим дефицитом белка в рационе людей, а также постоянно растущим его потреблением в мире.

Таким образом, в селекции молочного скота актуальным является вопрос повышения белкомолочности, наряду с традиционным отбором животных по жирномолочности, в целях обеспечения достаточного потребления в рационе белка и обеспечения рынка основными продуктами питания: сливочное масло, сметана, сливки и сектор мягких сыров.

Определение количества соматических клеток в молоке коров является важным не только для понимания процесса возникновения нарушений в молочной железе животного, но также необходимо для поиска генетических механизмов устойчивости особей к маститу.

Хотя данный биомаркер является низконаследуемым, все же имеется ряд исследований, посвященных поиску однонуклеотидных мутаций в генах с использованием методов ПЦР / ПДРФ, GWAS, а также секвенирования.

В обзорной статье Ковальчук С.Н. [23] было определено 92 гена-кандидата устойчивости крупного рогатого скота к маститу, которые выполняли различные функции в иммунном ответе: регуляция гуморального и воспалительного путей, реакция врожденного иммунитета, защита от бактерий и воспалительный ответ, обширная функция Т-лимфоцитов и клеток в части пролиферации, апоптоза, активизации и их дифференциации, выработка антител и фагоцитарная активность клеток, регуляция цитокинов [91-99].

В статье также было обобщено, что результаты GWAS в зависимости от породной и/или популяционной принадлежности скота могут давать не всегда совпадающие уровни достоверности и аннотируемые при этом гены. Идентифицированные ассоциации, по не менее чем двум исследованиям, с количеством соматических клеток, а также с пороговым признаком вероятности заболевания маститом коров, показали, что установленные гены-кандидаты преимущественно кодировали белки врожденного иммунитета: *CXCL2* [100, 101], *CXCL8* [101, 102], *MBL1* [91, 103, 104], *MBL2* [94, 105], *SLC4A4* [95, 106], *DCK* [95, 107], *NPFFR2* [92, 95, 96].

Однако без понимания процессов возникновения воспалительных процессов в молочной железе коровы, представляется сложным получение качественной продукции и удовлетворения рынка сырым молоком. Вместе с этим увеличение уровня продуктивности ведет к напряженности физиологического статуса организма коров, метаболическому стрессу и снижению резистентности. Поэтому поиск потенциальных биомаркеров, таких как соматически клетки, отвечающих за формирование и последующую реализацию продуктивности особей, представляется одной из наиболее актуальных задач научных исследований последних лет.

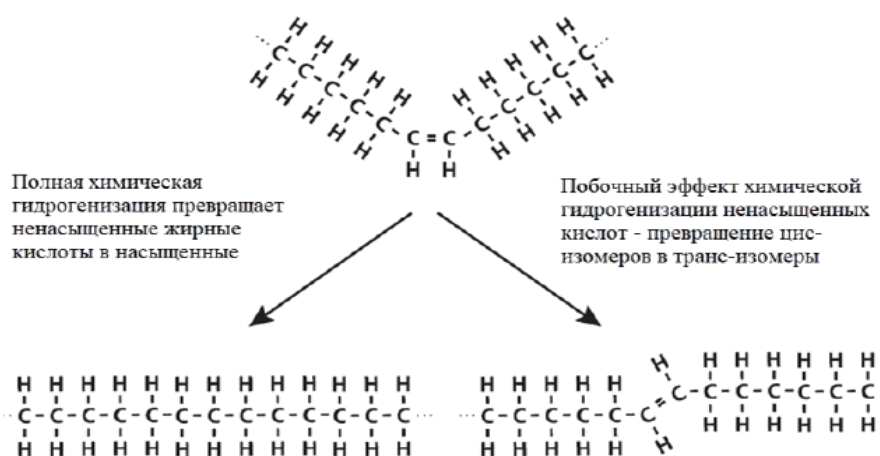
**Методы определения компонентного состава молока и оценка физиологического статуса коров по биомаркерам.** Продукция с заданными качественными и количественными параметрами находит все более широкое применение в питании человека. Получение молочных продуктов, ориентированных для разных групп потребителей (детское питание, обезжиренное или с низким содержанием лактозы молоко), является важной задачей как с точки зрения генетических факторов совершенствования молочного скота, так и с позиции физиологических основ понимания процессов образования компонентов молока, таких как жирные кислоты, белок, лактоза и другие. Все возрастающая интенсивность селекции по признакам молочной продуктивности в коммерческих породах скота ведет к сужению возможностей отбора животных с уникальными генетическими свойствами. В погоне за количеством молока мы теряем ценные свойства качества продукции, ухудшаются показатели здоровья, использования коров, и в этой связи возрастает риск получения молока с пониженными функциональными качествами и питательной ценностью.

За последние годы, потребители и собственно молочная индустрия изменили концепцию в подходе к качеству продукции с учетом требований рынка. Так, например, рассматривается учет показателей свертываемости молока для повышения выхода сыра при переработке, а жирнокислотного состава – как критерия оценки питательной и биологической ценности молока. Вместе с этим особое внимание уделяется соответствию молока для целей детского питания, причем значимое место отводится контролю за наличием соматических клеток, ингибирующих веществ и антибиотиков. Мониторинг в стадах крупного рогатого скота нарушений метаболического статуса у коров на ранних

стадиях лактации и в кратчайшие сроки для сохранения их здоровья, становится важным инструментом для получения экологически чистой продукции.

Все вышеперечисленные показатели, которые отвечают за количественный состав молока, включая качественный, могут быть использованы как «новые» селекционные критерии для отбора крупного рогатого скота при обязательном учете параметров внешней среды: технологии содержания, кормления и биологических особенностей протекания метаболических процессов в организме животных.

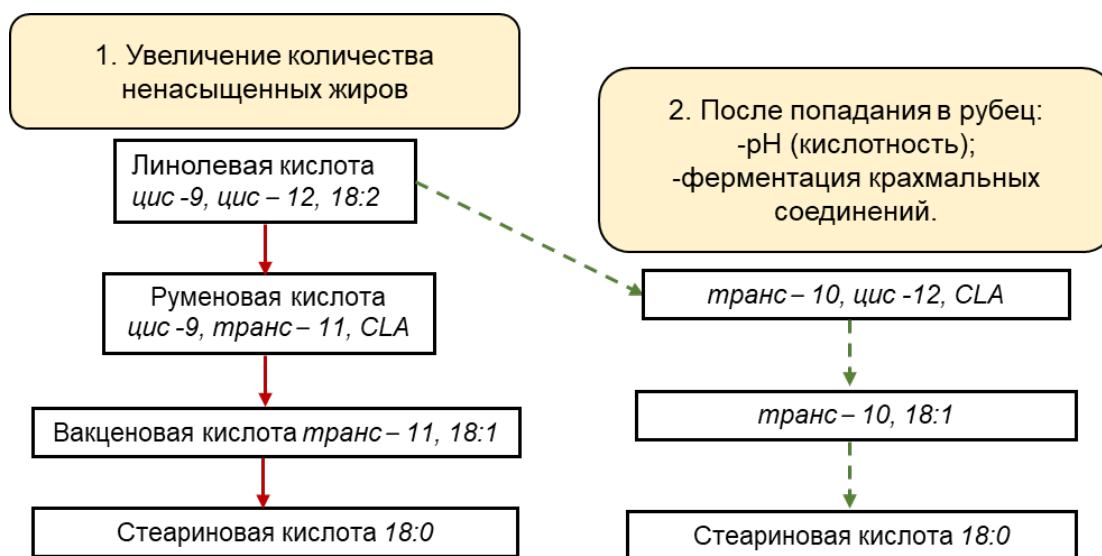
Как известно, изменчивость содержания процента белка в молоке имеет невысокие пределы в связи с особенностями метаболизма в организме животных с рубцовым типом пищеварения. Напротив, иная картина отмечена для долевого соотношения жира молока, из-за значительного влияния ряда условий: типа и рациона кормления, технологии содержания и доения, биологических – процессов биосинтеза и биогидрогенизации [46] (рис. 5).



**Рисунок 5.** Схематическое изображение процесса биогидрогенизации ненасыщенных жирных кислот до образования насыщенных и трансизомерных соединений

Последние два фактора представляют собой основные стадии образования жирных кислот в организме, при этом под действием водорода, синтезируемого рубцом животного, происходит так называемое насыщение или гидрогенизация ненасыщенных жирных кислот до насыщенных (распад двойных углеродных связей) с одновременным образованием побочных ЖК – «транс»-изомеров, то есть отличной от «цис»-формы соединений (рис. 6).

Существует теория биогидрогенизации [108], согласно которой депрессия или критическое снижение выхода молочного жира у коров сопровождается изменениями в процессе гидрогенизации ненасыщенных ЖК и дальнейшим прохождением полученных промежуточных соединений (например, транс-10, цис-12 конъюгированная линолевая кислота) из рубца в другие отделы пищеварительного тракта. Данные продукты (трансизомеры ЖК), по мнению исследователей, препятствуют экспрессии генов, ассоциированных с синтезом липидных соединений, что впоследствии ведет к снижению выхода молочного жира.



**Рисунок 6.** Пути биогидрогенизации линолевой кислоты в рубце животного

Необходимость в быстром, недорогом и высокопроизводительном методе анализа химического состава молока привела к применению методов инфракрасной спектроскопии. Данная техника основана на изучении взаимодействия между веществом и электромагнитными волнами как вида излучения, составляющего различные диапазоны по длине волны, например, видимый (350-800 нм), ближний инфракрасный (800-2500 нм), средний инфракрасный (2500-25000 нм), микроволновый (100 мкм<sup>-1</sup> см) и др. По разнице между заданным и поглощенным объемом излучения с использованием регрессионной модели возможно определить расчетный химический состав вещества и входящих в него соединений. В этой связи использование инфракрасных спектров среднего диапазона излучения для массового скрининга количественных и качественных параметров молока коров представляется актуальным.

Используя спектр из расширенных показателей состава молока вполне реально провести скрининг животных и стада по параметрам продуктивных качеств (выработка масла и сыра, энергетическая и питательная ценность молока), показателей фертильности (обмен веществ) и здоровья. Мы обобщили следующие предполагаемые маркерные параметры состава молока – биомаркеры, которые возможно использовать в селекции скота, менеджменте стада и мониторинге заболеваний животных: лактоза – энергетическая ценность молока; оценка вкусовых качеств; количество соматических клеток (КСК), включая дифференциацию клеток по морфологическим видам (ДКСК) – оценка риска возникновения субклинической формы мастита у коров; точка замерзания – технологический регламент доения; оценка фальсификации молока; мочевины – оценка баланса между энергией рациона и потреблением протеина корма; ацетон, бета-гидроксибутират – мониторинг риска возникновения субклинической формы кетоза; казеиновая фракция – белкомолочность, выход продукции сыра; С14:0 (миристиновая ЖК), С16:0 (пальмитиновая ЖК), С18:0 (стеариновая ЖК), НЖК (насыщенные ЖК) – жирномолочность, обмена веществ, потенциальной продукции метана; МНЖК (мононенасыщенные ЖК), ПНЖК (полиненасыщенные ЖК), С18:1 (олеиновая ЖК) – фертильность, выхода продукции масла, технологические свойства, органолептические качества; КЦЖК (короткоцепочечные ЖК), СЦЖК (среднецепочечные ЖК), ДЦЖК (длинноцепочечные ЖК) – энергетический статус животного, питательная ценность продукции, здоровье; ТЖК (транс-изомеры ЖК) – уровень жира в молоке (маркер депрессии молочного жира), качественных показателей продукции для использования в питании человека, фальсификация молока.

Что касается спектрометрических параметров молока, то здесь преобладающее положение для практического использования имеет инфракрасный метод по сравнению с масс-спектрометрией, так как он является менее дорогостоящим и более быстрым для проведения экспресс-анализов.

Масс-спектры являются референтным способом, позволяющим более глубоко изучить состав молока, в частности, для проведения исследований в условиях эксперимента на группе пар-аналогов. Массовые данные в настоящий момент может представить только инфракрасный спектр в масштабе популяции животных (коров) или породы. По мнению Hansen P. и Holroyd S. [109] основные изменения в спектрометрическом анализе молока (midinfrared spectroscopy, MIRS или ИК-спектрометрии) в скором времени позволят, во-первых, повысить воспроизводимость созданных прогнозных моделей для компонентов молока с низкой концентрацией в исходном веществе, во-вторых, развить низкие в стоимостном выражении и более робастные инструменты MIRS, а также использовать калибровочные модели для широкого ранжирования потенциальных нежелательных примесей (растительные масла и белок) или наполнителей (контроль экологичности молока) [109].

Аналогичные данные приводят и китайские исследователи касательно эффективности использования метода MIRS [10].

Изменение физико-химических параметров молока или их контроль обязателен к мониторингу для определения сниженной пищевой ценности. Использование метода ИК-спектрометрии интересно с той точки зрения, что он может быть адаптирован для оценки качественных параметров молока.

Исследования, проведенные в Италии на голштинском, буром швицком и симментальском скоте в 39 стадах показали, что наиболее выгодным составом молока отличались бурые швицы, далее следовали симменталы с наименьшим числом соматических клеток и после уже голштины с наивысшим уровнем удоя [110]. Показана породоспецифическая зависимость с технологическими свойствами молока.

Дальнейшие исследования на голштинах подтвердили возможность переноса спектральных данных молока (на основе инфракрасного анализатора MilkoScan (Foss Electric A/S, Hillerød, Denmark) на показатели содержания кальция, фосфора и кислотности [9, 111, 112]. Уровень детерминации разработанной калибровочной модели составил от 0,60 до 0,70. Наследуемость для содержания кальция в молоке была около 0,10, фосфора – 0,12 и кислотности – 0,26, что подтвердило возможности внедрения данных показателей в рутинную оценку и генетическое совершенствование новых фенотипических признаков.

Касательно протеомного анализа состава молока на более глубоком уровне стоит отметить роль масс-спектрометрии, которая позволяет с помощью подготовки пробы путем обезжиривания молока и абсорбции высокомолекулярных белков (казеины, глобулины) получать информацию по не менее 1000 протеинам.

Работа, представленная Tасота R. [113] на американских голштинах и джерсеях, показала результаты по 935 протеинам, которые были описаны как с генной онтологии, так и функциональной [113]. Анализ на молекулярном уровне поможет понять ряд метаболических механизмов регуляции белков молока коров. Данные исследования предстоит повторить и для ИК-спектров молока, так как имеются все предпосылки к решению данного вопроса с использованием накопленных референтных значений для белка (казеина) молока.

Особое место в анализе химического состава молока занимает концентрация жирных кислот, так как качественные характеристики данного продукта (выход сыра, масла и сливок) в значительной степени зависят от липидного обмена в организме животного. В исследованиях Gottardo P. [114] на 2977 гол. голштинских, бурых швицких и симментальских

коров было установлено, что меньшим процентом насыщенных жирных кислот молока (70,45%) и более высоким ненасыщенных (29,55%) характеризовались животные голштинской породы, имея при этом по симментальской породе промежуточное положение по показателям ЖК [114]. В данном случае голштины имели лучший профиль по жирным кислотам. Предполагаем, что молоко симментальских коров ввиду несколько большего содержания насыщенных (твердых фракций) ЖК было более пригодно для сыроделия (производства марочных сыров торговой марки «Пармезан»).

Учет средовых, хозяйственных и физиологических параметров для прогнозирования по инфракрасным спектрам молока хозяйственных признаков одинаково важен для получения точных оценок племенной ценности животных. Результаты исследований, проведенных Soyеurt Н. [115], показали, что разработанные калибровочные уравнения прогноза по содержанию жирных кислот в молоке коров дали хорошую повторяемость в сравнении с хроматографическими данными по следующим из них: 12:0, 14:0, 16:0, 16:1 cis-9, 18:1 [115].

Жирные кислоты действуют на организм человека по-разному: миристиновая кислота оказывает негативный эффект на сердечно-сосудистую систему, вызывая заболевания, а стеариновая не имеет такого воздействия. Отмечено, что синтез жирных кислот в организме животного детерминирован генетически в большей степени, нежели потреблением из корма, либо мобилизацией из жировых тканей организма. Жирные кислоты С6:0...С16:0, согласно литературным данным, имеют высокую наследуемость (0,41...0,43), что повышает эффект селекции при отборе животных с желательным соотношением ЖК (насыщенные / ненасыщенные ЖК) [116].

Важные с точки зрения питательной ценности для здоровья людей кислоты (С18:2 cis-9,12) отличаются относительно низкой наследуемостью (0,17...0,33), но так как они отрицательно коррелируют с короткими и средними по длине цепи жирными кислотами, то эффект селекции может быть также успешным [11].

Так, соединения с молекулярной массой по углероду С18:0...С18:1 влияют на фертильность на ранней стадии лактации, а С18:1 cis-9 опосредованно указывает на энергетический статус коровы и может служить для раннего прогнозирования проблем с кетозом. В свою очередь С16:0 и С17:1 cis-9 являются удобным инструментом для оценки выработки продукции метана коровой и далее конверсии корма (чем ниже выделение метана, тем выше конверсия (переваривание организмом корма) [117, 118].

Некоторые жирные кислоты являются результатом синтеза ацетата и бутирата, в связи с чем часто считаются потенциальными предикторами эмиссии метана. Так, насыщенные кислоты, с короткой и средней по длине молекулярной цепью показывают положительные генетические корреляции с продукцией метана (0,25...0,29) [119].

Учет в молоке коров мочевины, ацетона, бета-оксимасляной кислоты и солей лимонной кислоты (цитратов) позволяет выявлять скрытые метаболические нарушения на ранних стадиях лактации, корректировать структуру рационов и тем самым получать продукцию (молоко) с регулируемыми параметрами качества [14].

Стоит особо отметить возможности современного анализа для выявления стельности коров на основе инфракрасного спектра молока. Исследования, проведенные Laine А. [120] на базе 102096 спектров (46305 проб от яловых коров, 55791 – от стельных), позволило получить результативность определения стельности на уровне 79,8% и яловости – 84% [120].

**Заключение.** Изменчивость компонентного состава молока коров (следы ацетона, бутирата, кислотность, точка замерзания, КСК, ПНЖК, ТЖК), а также количества соматических клеток в нем в течение лактации зависит в большей степени от средовых

факторов. Эти изменения могут помочь в оценке состояния организма животного, например, физиологического статуса.

Отдельные компоненты молока в качестве самостоятельных биомаркеров, способны помочь в оценке состояния животного. Их можно разделить на группы: селекционные (жир, белок, казеин, крупные фракции ЖК), метаболические (ацетон, БГБ, мочевины), технологические (точка замерзания, кислотность) и функциональные (насыщенные и ненасыщенные ЖК с разной длиной углеродной цепи, КСК и ДКСК). В комплексе действия биомаркеров становится возможно более точно охарактеризовать здоровье коров (физиологический статус), как реакцию организма на изменения условий среды.

С точки зрения генетической изменчивости для молочной продуктивности в долгосрочной перспективе помимо жира и белка молока некоторые показатели его состава, такие как: казеин, лактоза, биомаркер мочевины, ряд жирных кислот (олеиновая, миристиновая ЖК, мононенасыщенные и длинноцепочечные ЖК), также являются перспективными для селекции. Дополнительный интерес представляет поиск «главных» генов продуктивности (например, *DGAT1*, *SCD*, *ABCG2*, казеины и др.), которые могут быть использованы в программах разведения скота.

Помимо определения числа соматических клеток их дифференциация по видам служит индикатором нарушения функции молочной железы в части выявления животных с разными формами мастита. Своевременная диагностика заболевания на ранней стадии позволит сократить затраты на ветеринарное обслуживание, повысит качество молока и уровень удоя коров. Изучение устойчивости молочного скота к ряду инфекционных патогенов, нарушению метаболизма и как следствие развитию мастита, поможет раскрыть генетические механизмы формирования такой резистентности с использованием методов SNP-генотипирования и тотального секвенирования (прочтения генома). Это равнозначно относится и к количественному составу жирных кислот молока, обладающих сложным механизмом синтеза через задействование ряда метаболических путей.

## Литература

1. Ефимова Л.В., Фролова О.А., Зазнобина Т.В. Влияние быков – производителей голштинской породы на физико-химические и технологические свойства молока дочерей // Вестн. Ульяновской гос. с.-х. акад. 2018. № 4 (44). С. 154 – 157.
2. Ковальчук С.Н. Гены-кандидаты устойчивости крупного рогатого скота к маститу : (обзор) // Проблемы биологии продуктивных животных. 2021. № 3. С. 19 – 31.
3. Leblanc S. Monitoring Metabolic Health of Dairy Cattle in the Transition Period // Journal of Reproduction and Development. 2010. Vol. 56. Iss. S. P. S29 – S35. doi.org/10.1262/jrd.1056S29.
4. E Rojas Canadas. Postpartum vaginal discharge score is associated with genetic traits, postpartum fertility phenotypes, metabolic status, and overall reproductive performance in seasonal-calving pasture-based dairy cows // Journal of Animal Science. 2023. Vol. 106 (12). P. 9778 – 9792. doi: 10.3168/jds.2023-23324.
5. Скопичев В.Г., Племяшов К.В., Щепеткина С.В., Корочкина Е.А., Ришко О.А. Факторы возникновения и формы течения мастита // Мастит: этиология, профилактика, диагностика, лечение : учеб. пособие. СПб: Изд-во ФГОУ ВО СПбГАВМ, 2020. С. 64 – 82.
6. Мастит: этиология, профилактика, диагностика, лечение : учеб. пособие / С.В. Щепеткина и др. – СПб.: Изд-во ФГОУ ВО СПбГАВМ, 2020. 308 с.
7. Grelet C., Larsen T., Crowe M.A. et al. Prediction of key milk biomarkers in dairy cows through milk MIR spectra and international collaborations // J. Dairy Sci. 2023. In Press, Journal Pre-proof. doi.org/10.3168/jds.2023-23843.
8. De Marchi M., Toffanin V., Cassandro M., Penasa. M. Invited review: Mid-infrared spectroscopy as phenotyping tool for milk traits // J. Dairy Sci. 2014. Vol. 97. 3: P. 1171 – 1186.
9. Delhez P., Colinet F., Vanderick S. et al. Predicting milk mid-infrared spectra from first-parity Holstein cows using a test-day mixed model with the perspective of herd management // J. Dairy Sci. 2020. 103. doi.org/10.3168/jds.2019-17717.

10. Du C., Liangkang Nan, Lei Yan et al. Genetic Analysis of Milk Production Traits and Mid-Infrared Spectra in Chinese Holstein Population // *Animals*. 2020. 10 (1). 139. doi.org/10.3390/ani10010139.
11. Tiplady K.M., Lopdell T.J., Sherlock R.G. et al. Comparison of the genetic characteristics of directly measured and Fourier-transform mid-infrared-predicted bovine milk fatty acids and proteins // *J. Dairy Sci.* 2022. Vol. 105. Iss. 12. P. 9763 – 9791. doi.org/10.3168/jds.2022-22089.
12. Hanuš O., Genčurová V., Zhang Y. et al. Milk acetone determination by the photometrical method after microdiffusion and via FT infra-red spectroscopy // *J. Agrobiol.* 2011. 28 (1): P. 33 – 48. doi:10.2478/v10146-011-0004-9.
13. Aguilar M., Hanigan M.D., Tucker H.A. et al. Cow and herd variation in milk urea nitrogen concentrations in lactating dairy cattle // *J. Dairy Sci.* 2012. 95. P. 7261 – 7268. doi.org/10.3168/jds.2012-5582.
14. Bastin C., Théron L., Lainé A., Gengler N. On the role of mid-infrared predicted phenotypes in fertility and health dairy breeding programs // *J. Dairy Sci.* 2016. 99 (5). P. 4080 – 4094. doi: 10.3168/jds.2015-10087.
15. Kostensalo J., Lidauer M., Aernouts B. et al. Short communication: Predicting blood plasma non-esterified fatty acid and beta-hydroxybutyrate concentrations from cow milk—addressing systematic issues in modelling // *Animal*. 2023. Vol. 17. Iss. 9. 100912. doi.org/10.1016/j.animal.2023.100912.
16. Buitenhuis A.J., Poulsen N.A. Estimation of heritability for milk urea and genetic correlations with milk production traits in 3 Danish dairy breeds // *J. Dairy Sci.* 2023, Vol. 106. P. 5562 – 5569.
17. Schwarz D., Diesterbeck U.S., König S. et al. Microscopic differential cell counts in milk for the evaluation of inflammatory reactions in clinically healthy and subclinically infected bovine mammary glands // *J. Dairy Research*. 2011. 78(4): 448 – 455. doi: 10.1017/S0022029911000574.
18. Schwarz D., Kleinhans S., Reimann G. et al. Investigation of dairy cow performance in different udder health groups defined based on a combination of somatic cell count and differential somatic cell count // *Preventive Veterinary Medicine.*, 2020. 183: 105123. doi: 10.1016/j.prevetmed.2020.105123.
19. Schwarz D., Santschi D.E., Durocher J., Lefebvre D.M. Evaluation of the new differential somatic cell count parameter as a rapid and inexpensive supplementary tool for udder health management through regular milk recording // *Preventive Veterinary Medicine.* 2020. 181: 105079. doi: 10.1016/j.prevetmed.2020.105079.
20. Damm M., Holm C., Blaabjerg M., Novak B.M., Schwarz D. Differential somatic cell count—a novel method for routine mastitis screening in the frame of dairy herd improvement testing programs // *J. Dairy Sci.* 2017. 100 (6): P. 4926 – 4940. doi: 10.3168/jds.2016-12409.
21. Halasa T., Kirkeby C. Differential somatic cell count: value for udder health management // *Frontiers in Veterinary Science*. 2020. 7: 609055. doi: 10.3389/fvets.2020.609055.
22. Cole J.B, Wiggans G.R, Ma L. et al. Genome-wide association analysis of thirty one production, health, reproduction and body conformation traits in contemporary U.S. Holstein cows // *BMC Genomics*. 2011. P. 1 – 17. URL: <https://bmccgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2164-12-408>.
23. Buitenhuis B., Janss L.L., Poulsen N.A. et al. Genome-wide association and biological pathway analysis for milk-fat composition in Danish Holstein and Danish Jersey cattle // *BMC Genomics*. 2014. 15 (1): 1112. doi: 10.1186/1471-2164-15-1112.
24. Ilie D.E., Mizeranschi A.E., Mihali C.V. et al. Genome-wide association studies for milk somatic cell score in Romanian dairy cattle // *Genes (Basel)*. 2021. 12 (10): 1495. doi: 10.3390/genes12101495.
25. Jiang J., Ma L., Prakapenka D. et al. A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle // *Frontiers in Genetics*. 2021. № 10. 412 p. doi.org/10.3389/fgene.2019.00412.
26. Zaalberg R.M., Shetty N., Janss L., Buitenhuis A.J. Genetic analysis of Fourier transform infrared milk spectra in Danish Holstein and Danish Jersey // *J. Dairy Sci.* 2019. 102 (1): 503 – 510. doi: 10.3168/jds.2018-14464.
27. Costa A., Egger-Danner C., Mészáros G. et al. Genetic associations of lactose and its ratios to other milk solids with health traits in Austrian Fleckvieh cows // *J. Dairy Sci.* 2019. 102. P. 4238 – 4248. doi.org/10.3168/jds.2018-15883.
28. Costa A., Lopez-Villalobos N., Visentin G. et al. Heritability and repeatability of milk lactose and its relationships with traditional milk traits, somatic cell score and freezing point in Holstein cows // *Animal*. 2019. 13. P. 909 – 916. doi.org/10.1017/S1751731118002094.
29. Costa A., Lopez-Villalobos N., Sneddon N.W. et al. Invited review: Milk lactose—Current status and future challenges in dairy cattle // *J. Dairy Sci.* 2019. 102. P. 5883 – 5898. doi.org/10.3168/jds.2018-15955.
30. Янчуков И.Н., Ермилов А.Н., Харитонов С.Н., Осадчая О.Ю. Основные параметры селекционной программы совершенствования популяции черно-пестрого скота московской области // *Изв. ТСХА*. 2011. № 6. С. 127 – 135.
31. Шульга Л.П. Селекционная и информационная составляющие молочного скотоводства России // *Изв. Санкт-Петербургского гос. аграр. ун-та*. 2016. № 43. С. 94 – 100.

32. Харитонов С.Н., Мельникова Е.Е., Осадчая О.Ю., Сермягин А.А. Динамика изменения основных показателей в популяции черно-пестрого скота Российской Федерации // Молоч. и мясн. скотоводство. 2018. № 7. С. 13 – 17.
33. Богатова О.В., Догарева Н.Г. Химия и физика молока : учеб. пособие. Оренбург: ГОУ ОГУ, 2004. 137 с.
34. Aernouts B., Polshin E., Lammertyn J., Saeys W. Visible and near-infrared spectroscopic analysis of raw milk for cow health monitoring: Reflectance or transmittance? // J. Dairy Sci. 2011. Vol. 94. Iss. 11. P. 5315 – 5329. doi.org/10.3168/jds.2011-4354.
35. Jensen R.G., Ferris A.M., Lammi-Keefe C.J. The composition of milk fat // J. Dairy Sci. 1991. Vol. 74. Iss. 9. P. 3228 – 3243. doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(91)78509-3.
36. Palmquist D.L. Milk Fat: Origin of Fatty Acids and Influence of Nutritional Factors Thereon // Advanced Dairy Chemistry. 2007. Vol. 2: Lipids. P. 43 – 92 (801).
37. Mansson H.L. Fatty acids in bovine milk fat // Food Nutr. Res. 2008. 52: 10.3402. doi:10.3402/fnr.v52i0.1821.
38. Vargas-Bello-Pérez E., Garnsworthy P.C. Trans fatty acids and their role in the milk of dairy cows // Cien. Inv. Agr. 2013. 40 (3). P. 449 – 473.
39. Hein L., Sørensen L.P., Kargo M. et al. Genetic analysis of predicted fatty acid profiles of milk from Danish Holstein and Danish Jersey cattle populations // J. Dairy Sci. 2018. Vol. 101. P. 2148 – 2157. doi.org/10.3168/jds.2017-13225.
40. Buitenhuis B., Lassen J., Noel S.J. et al. Impact of the rumen microbiome on milk fatty acid composition of Holstein cattle // Genet. Sel. Evol. 2019. Vol. 51: 23. doi.org/10.1186/s12711-019-0464-8.
41. Palombo V., Milanese M., Sgorlon S. et al. Genome-wide association study of milk fatty acid composition in Italian Simmental and Italian Holstein cows using single nucleotide polymorphism arrays // J. Dairy Sci. 2018. Vol. 101. P. 11004 – 11019. doi.org/10.3168/jds.2018-14413.
42. Cruz V.A.R., Oliveira H.R., Brito L.F. et al. Genome-wide association study for milk fatty acids in Holstein cattle accounting for the *DGAT1* gene effect // Animals. 2019. Vol. 9 (11): 997. doi.org/10.3390/ani9110997.
43. Shi L., Lu X., Liu L. et al. A post-GWAS confirming effects of PRKG1 gene on milk fatty acids in a Chinese Holstein dairy population // BMC Genet. 2019. Vol. 20: 53. doi.org/10.1186/s12863-019-0755-7.
44. Bauman D.E., Griinari J.M. Nutritional regulation of milk fat synthesis // Annu. Rev. Nutr. 2003. 23: 203 – 27. doi: 10.1146/annurev.nutr.23.011702.073408.
45. Kliem K.E., Shingfield K.J. Manipulation of milk fatty acid composition in lactating cows: Opportunities and challenges // Eur. J. Lipid Sci. Technol. 2016. Vol. 118. Iss. 11. P. 1661 – 1683. doi.org/10.1002/ejlt.201400543.
46. Hanuš O., Samková E., Křížová L., Hasoňová L., Kala R. Role of fatty acids in milk fat and the influence of selected factors on their variability — a review // Molecules. 2018. 23 (7): 1636. doi: 10.3390/molecules23071636.
47. Сычева О.В. Молоко: качество, состав, свойства. Проблемы и решения : моногр. М.; Берлин: Директ-Медиа, 2014. 145 с.
48. Эйсер Ф.Ф. Племенная работа с молочным скотом. М.: Агропромиздат, 1986. 84 с.
49. Haile-Mariam M., Pryce J.E. Genetic parameters for lactose and its correlation with other milk production traits and fitness traits in pasture-based production systems // J. Dairy Sci. 2017. Vol. 100. Iss. 5. P. 3754 – 3766. doi.org/10.3168/jds.2016-11952.
50. Roseler D.K., Ferguson J.D., Sniffen C.J., Herrema J. Dietary protein degradability effects on plasma and milk urea nitrogen and milk nonprotein nitrogen in Holstein cows // J. Dairy Sci. 1993. Vol. 76. Iss. 2. P. 525 – 534. doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(93)77372-5.
51. Broderick G.A., Clayton M.K. A statistical evaluation of animal and nutritional factors influencing concentrations of milk urea nitrogen // J. Dairy Sci. 1997. Vol. 80. Iss. 11. P. 2964 – 2971. doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(97)76262-3.
52. Нарышкина Е.Н., Карликова Г.Г., Виноградова И.В., Гусев И.В. Изменение состава молока коров в период раздоя // Фундаментальные и прикладные аспекты кормления с.-х. животных и технологии кормов. Дубровицы, 2016. С. 355 – 360.
53. Ma L., Luo H., Brito L.F. et al. Estimation of genetic parameters and single-step genome-wide association studies for milk urea nitrogen in Holstein cattle // J. Dairy Sci. 2023. Vol. 106. Iss. 1. P. 352 – 363.
54. Luke T.D.W., S. Rochfort, W.J. Wales, et. al. Metabolic profiling of early-lactation dairy cows using milk mid-infrared spectra // J. Dairy Sci. 2018. Vol. 102. Iss. 2. P. 1747 – 1760. doi.org/10.3168/jds.2018-15103.

55. Alemu T.W., Santschi D.E., Cue R.I., Duggavathi R. Reproductive performance of lactating dairy cows with elevated milk  $\beta$ -hydroxybutyrate levels during first 6 weeks of lactation // *J. Dairy Sci.* 2023. V.106 (7). P. 5165 – 5181. doi.org/10.3168/jds.2022-22406.
56. Нарышкина Е.Н., Карликова Г.Г., Виноградова И.В., Алексеев А.А., Черкасова А.В. Соматические клетки как фактор снижения молочной продуктивности коров // Пути продления продуктивной жизни молочных коров на основе оптимизации разведения, технологий содержания и кормления животных. Дубровицы, 2015. С. 73 – 77.
57. Нарышкина Е.Н., Сермягин А.А., Виноградова И.В., Хрипякова Е.Н. Влияние уровня содержания соматических клеток в молоке новотельных коров на показатели продуктивности // Пути продления продуктивной жизни молочных коров на основе оптимизации разведения, технологий содержания и кормления животных. Дубровицы, 2015. С. 69 – 73.
58. Сермягин А.А., Лашнева И.А., Косицин А.А. и др. Морфологический состав соматических клеток в молоке коров как критерий оценки здоровья молочной железы в связи с продуктивностью и компонентами молока // *С.-х. биология.* 2021. Т. 56. № 6. С. 1183 – 1198. doi: 10.15389/agrobiology.2021.6.1183rus.
59. Sermyagin A.A., Gladyr E.A., Kharzhau A.A. et al. 167 Genetic and genomic estimation for somatic cell score in relation with milk production traits of Russian Holstein dairy cattle // *J. Dairy Sci.* 2017. Vol. 95. Iss. 4. P. 82 – 83. doi: 10.2527/asasann.2017.167.
60. Pillai S.R., Kunze E., Sordillo L.M., Jayarao B.M. Application of differential inflammatory cell count as a tool to monitor udder health // *J. Dairy Sci.* 2001. Vol. 84 (6). P. 1413 – 1420. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(01)70173-7.
61. Rivas A.L., Quimby F.W., Blue J., Coksaygan O. Longitudinal evaluation of bovine mammary gland health status by somatic cell counting, flow cytometry, and cytology // *J. of Veterinary Diagnostic Investigation.* 2001. 13 (5): 399 – 407. doi: 10.1177/104063870101300506.
62. Pilla R., Malvisi M., Snel G. et al. Differential Cell Count as an alternative method to diagnose dairy cow mastitis // *J. Dairy Sci.* 2013. Vol. 96. P. 1653 – 1660. doi.org/10.3168/jds.2012-6298.
63. Sordillo L.M., Shafer-Weaver K., DeRosa D. Immunobiology of the mammary gland // *J. Dairy Sci.* 1997. 80 (8): 1851 – 1865. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(97)76121-6.
64. Oviedo-Boyso J., Valdez-Alarcón J.J., Cajero-Juárez M. et al. Innate immune response of bovine mammary gland to pathogenic bacteria responsible for mastitis // *J. of Infection.* 2007. 54 (4): 399 – 409. doi: 10.1016/j.jinf.2006.06.010.
65. Лашнева И.А., Косицин А.А., Сермягин А.А., Зиновьева Н.А. Полногеномный анализ ассоциаций с количеством соматических клеток и их дифференциацией по видам в молоке коров // *Молоч. и мясн. скотоводство.* 2022. № 6. С. 12 – 17. doi: 10.33943/MMS.2022.66.75.002.
66. Lee C., Wooding F., Kemp P. Identification, properties, and differential counts of cell populations using electron microscopy of dry cow's secretions, colostrum and milk from normal cows // *J. of Dairy Research.* 1980. 47 (1): 39 – 50. doi: 10.1017/S0022029900020860.
67. Pilla R., Schwarz D., König S., Piccinini R. Microscopic differential cell counting to identify inflammatory reactions in dairy cow quarter milk samples // *J. Dairy Sci.* 2012. 95 (8): 4410 – 4420. doi: 10.3168/jds.2012-5331.
68. Paape M.J., Mehrzad J., Zhao X., Detilleux J., Burvenich C. Defense of the bovine mammary gland by polymorphonuclear neutrophil leukocyte // *J. of Mammary Gland Biology and Neoplasia.* 2002. 7 (2): 109 – 121. doi: 10.1023/a:1020343717817.
69. Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных: справ. пособие. / под ред. А.П. Калашникова и др. 3-е изд. М., 2003. 456 с.
70. Головин А.В., Аникин А.С., Некрасов Р.В., Первов Н.Г. Нормирование энергии для молочных коров // *Достижения науки и техники АПК.* 2013. № 3. С. 18 – 19.
71. Некрасов Р.В., Головин А.В., Аникин А.С., Первов Н.Г. Нормирование и организация кормления высокопродуктивных коров // *Молоч. пром-сть.* 2014. № 7. С. 26 – 28.
72. Крупин Е.О., Зухрабов М.Г., Шакиров Ш.К. Молочная продуктивность, состав и качество молока высокопродуктивных коров на фоне направленного регулирования обмена веществ // *Ученые записки Казанской гос. акад. вет. медицины им. Н.Э. Баумана.* 2010. Т. 203. С. 134 – 140.
73. Кудрявцева Е.Н., Толстова Д.А. Изменение состава и свойств молока коров за счет регулирования уровня жира в их рационах // *Актуал. вопросы совершенствования технологии пр-ва и перераб. продукции сел. хоз-ва.* 2018. № 20. С. 181 – 184.
74. Brady E.L., Kelly E.T., Lynch M.B. et al. The effect of concentrate feeding strategy and dairy cow genotype on milk production, pasture intake, body condition score and metabolic status under restricted grazing conditions // *Livestock Science.* 2022. Vol. 256. P. 1 – 11. doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104815.

75. Горбатова К.К., Гунькова П.И. Биохимия молока и молочных продуктов : учебник. 4-е изд. СПб.: ГИОРД, 2010. 336 с.
76. Артемьева О.А., Никанова Д.А., Котковская Е.Н. и др. Мониторинг молока коров на наличие стафилококков и соматических клеток как предвестников мастита // Молоч. и мясн. скотоводство. 2016. № 4. С. 24 – 27.
77. Sermyagin A.A., Lashneva I.A., Ignatieva L.P. et al. Genome-wide association study for milk predicted milk fatty acids composition in Russian Holstein cattle population // J. of Animal Science. 2021. Vol. 99 (S3). P. 245 – 246. doi: 10.1093/jas/skab235.488.
78. Сермягин А.А., Белоус А.А., Корнелаева М.В. и др. Возможности использования инфракрасных спектров молока для прогнозирования функционального состояния и здоровья коров // Плем. работа в животноводстве Моск. обл. и г. Москвы (2017 г.). М., 2018. С. 11 – 22.
79. Weller J.I., Ezra E., Ron M. Invited review: A perspective on the future of genomic selection in dairy cattle // J. Dairy Sci. 2017. 100 (11): 8633 – 8644. doi: 10.3168/jds.2017-12879.
80. Nayeri S., Sargolzaei M., Abo-Ismael M.K. et al. Genome-wide association for milk production and female fertility traits in Canadian dairy Holstein cattle // BMC Genetics. 2016. 17: 75. doi:10.1186/s12863-016-0386-1.
81. Huang W., Peñagaricano F., Ahmad K.R. et al. Association between milk protein gene variants and protein composition traits in dairy cattle // J. Dairy Sci. 2012. 95: 440 – 449. doi.org/10.3168/jds.2011-4757.
82. Saatchi M., Garrick D.J., Tait Jr R.G. et al. Genome-wide association and prediction of direct genomic breeding values for composition of fatty acids in Angus beef cattle // BMC Genomics. 2013. 14: 730. URL: <http://www.biomedcentral.com/1471-2164/14/730>.
83. Ковальчук С.Н. Жирнокислотный состав мышечной ткани овец: фенотипическая вариабельность, наследуемость, гены-кандидаты : (обзор) // С.-х. биология. 2021. Т. 56. № 6. С. 1049 – 1062.
84. Сивкин Н.В., Стрекозов Н.И. Оценка количества соматических клеток в молоке коров в период лактации // Молоч. пром-сть. 2010. № 11. С. 71 – 72.
85. Filipejová T., Kováčik J., Kirchnerová K., Foltýs V. Changes in milk composition as a result of metabolic disorders of dairy cows. // Potravinárstvo. 2011. 5 (1): P. 10 – 16. doi:10.5219/113.
86. Jonkus D., Paura L. Estimation of Genetic Parameters for Milk Urea and Milk Production Traits of Latvian Brown Cows // Agriculturae Conspectus Scientificus. 2011. 76 (3): 227 – 230.
87. Czajkowska A., Sitkowska B., Piwczynski D., Wójcik P., Mroczkowski S. Genetic and environmental determinants of the urea level in cow's milk // Arch. Anim. Breed. 2015. 58: 65 – 72. doi:10.5194/aab-58-65-2015.
88. Rzewuska K., Strabel T. The genetic relationship between reproduction traits and milk urea concentration // Animal Science Papers and Reports. 2015. 33 (3): 243 – 256.
89. Henno M., Ots M., Joudu I., Kaart T., Kart O. Factors affecting the freezing point stability of milk from individual cows // International Dairy Journal. 2008. 18: 210 – 215. doi:10.1016/j.idairyj.2007.08.006.
90. Otwinowska-Mindur A., Ptak E., Grzesiak A. Factors affecting the freezing point of milk from Polish Holstein-Friesian cows // Ann. Anim. Sci. 2017. 17 (3): 873 – 885. doi: 10.1515/aoas-2016-0088.
91. Yuan Z., Chu G., Dan Y. et al. *BRCA1*: a new candidate gene for bovine mastitis and its association analysis between single nucleotide polymorphisms and milk somatic cell score // Molecular Biology Reports. 2012. Vol. 39. № 6. P. 6625 – 6631.
92. Sahana G., Gulbrandsen B., Thomsen B. et al. Genome-wide association study using high-density single nucleotide polymorphism arrays and whole genome sequences for clinical mastitis traits in dairy cattle // J. Dairy Sci. 2014. Vol. 97. № 11. P.7258 – 7275.
93. Tiezzi F., Parker-Gaddis K.L., Cole J.B., Clay J.S., Maltecca C. A genome-wide association study for clinical mastitis in first parity US Holstein cows using single-step approach and genomic matrix reweighting procedure // PLoS One. 2015. Vol. 10. № 2. e0114919.
94. Wang X., Ma P., Liu J. et al. Genome-wide association study in Chinese Holstein cows reveal two candidate genes for somatic cell score as an indicator for mastitis susceptibility // BMC Genet. 2015. Vol. 16. P. 111.
95. Wu X., Lund M.S., Sahana G. et al. Association analysis for udder health based on SNP-panel and sequence data in Danish Holsteins // Genet. Sel. Evol. 2015. Vol. 47. № 1. P. 50.
96. Zhang Q., Gulbrandsen B., Thomassen J.R., Lund M.S., Sahana G. Genome-wide association study for longevity with whole-genome sequencing in 3 cattle breeds // J. Dairy Sci. 2016. Vol. 99. № 9. P. 7289 – 7298.
97. Yang F., Chen F., Li L. et al. GWAS using 2b-RAD sequencing identified three mastitis important SNPs via two-stage association analysis in Chinese Holstein cows // bioRxiv. 2018. P. 434340.

98. Welderufael B.G., Løvendahl P., de Koning D.J., Janss L.L.G., Fikse W.F. Genome-Wide Association Study for Susceptibility to and Recoverability from Mastitis in Danish Holstein Cows // *Front. Genet.* 2018. Vol. 9. P. 141.
99. Fraser R.S., Lumsden J.S., Lillie B.N. Identification of polymorphisms in the bovine collagenous lectins and their association with infectious diseases in cattle // *Immunogenetics.* 2018. Vol. 70. № 8. P. 533 – 546.
100. Cai Z., Guldbbrandtsen B., Lund M.S. et al. Prioritizing candidate genes post-GWAS using multiple sources of data for mastitis resistance in dairy cattle // *BMC Genomics.* 2018. Vol. 19. P. 656.
101. Kirsanova E., Heringstad B., Lewandowska-Sabat A., Olsaker I. Identification of candidate genes affecting chronic subclinical mastitis in Norwegian Red cattle: combining genome-wide association study, topologically associated domains and pathway enrichment analysis // *Anim. Genet.* 2020. Vol. 51. № 1. P. 22 – 31.
102. Chen R., Wang Z., Yang Z. et al. Association of IL8-105G/A with mastitis somatic cell score in Chinese Holstein dairy cows // *Anim. Biotechnol.* 2015. Vol. 26. № 2. P. 143 – 147.
103. Wang C., Liu M., Li Q. et al. Three novel single-nucleotide polymorphisms of MBL1 gene in Chinese native cattle and their associations with milk performance traits // *Vet. Immunol. Immunopathol.* 2011. Vol. 139. P. 229 – 236.
104. Liu J., Ju Z., Li Q. et al. Mannose-binding lectin 1 haplotypes influence serum MBL-A concentration, complement activity, and milk production traits in Chinese Holstein cattle // *Immunogenetics.* 2011. Vol. 63. P. 727 – 742.
105. Zhao Z.L., Wang C.F., Li Q.L. et al. Novel SNPs of the mannan-binding lectin 2 gene and their association with production traits in Chinese Holsteins // *Genet. Mol. Res.* 2012. Vol. 11. № 4. P. 3744 – 3754.
106. Sodeland M., Kent M.P., Olsen H.G. et al. Quantitative trait loci for clinical mastitis on chromosomes 2, 6, 14 and 20 in Norwegian Red cattle // *Anim. Genet.* 2011. Vol. 42. P. 457 – 465.
107. Abdel-Shafy H., Bortfeldt R.H., Tetens J., Brockmann G.A. Single nucleotide polymorphism and haplotype effects associated with somatic cell score in German Holstein cattle // *Genet. Sel. Evol.* 2014. Vol. 46. P.35.
108. Bauman D.E., Griinari J.M. Regulation and nutritional manipulation of milk fat: Low-fat milk syndrome // *Livestock Production Science.* 2001. 70 (1): P. 15 – 29. doi: 10.1016/S0301-6226(01)00195-6.
109. Hansen P.W., Holroyd S.E. Development and application of Fourier transform infrared spectroscopy for detection of milk adulteration in practice // *International Journal of Dairy Technology.* 2019. Vol. 72. Iss. 3. P. 321 – 331. doi:10.1111/1471-0307.12592.
110. Sturaro A., Tiezzi F., Penasa M. et al. Study of milk coagulation properties in multibreed italian dairy herds // *Acta Agriculturae Slovenica.* 2012. 100. 89 – 92.
111. Visentin G., McDermott A., McParland S. et al. Prediction of bovine milk technological traits from mid-infrared spectroscopy analysis in dairy cows // *J. Dairy Sci.* 2015. 201598: 6620 – 6629. doi.org/10.3168/jds.2015-9323.
112. Ho P.N., Bonfatti V., Luke T.D.W., Pryce J.E. Classifying the fertility of dairy cows using milk mid-infrared spectroscopy // *J. Dairy Sci.* 2020. 102: 10460 – 10470. doi.org/10.3168/jds.2019-16412.
113. Tacoma R., Fields J., Ebenstein D.B., Lam Y.W., Greenwood S.L. Characterization of the bovine milk proteome in early-lactation Holstein and Jersey breeds of dairy cows // *J Proteomics.* 2016. 130: 200 – 210. doi:10.1016/j.jprot.2015.09.024.
114. Gottardo P., Tiezzi F., Penasa M. et al. Milk fatty acids predicted by midinfrared spectroscopy in mixed dairy herds // *Agricultural Conspectus Scientificus.* 2013. 78 (3): 263 – 266.
115. Soyeurt H., Dardenne P., Dehareng F. et al. Estimating Fatty Acid Content in Cow Milk Using Mid-Infrared Spectrometry // *J. Dairy Sci.* 2006. 89: 3690 – 3695.
116. Lopez-Villalobos N., Spelman R.J., Melis J. et al. Genetic correlations of milk fatty acid contents predicted from milk mid-infrared spectra in New Zealand dairy cattle // *J. Dairy Sci.* 2020. Vol. 103. Iss. 8. P. 7238 – 7248. doi.org/10.3168/jds.2019-17971.
117. Vanlierde A., Vanrobays M.-L., Dehareng F. et al. Hot topic: Innovative lactation-stage-dependent prediction of methane emissions from milk mid-infrared spectra // *J. Dairy Sci.* 2015. Vol. 98. Iss. 8. P. 5740 – 5747. doi.org/10.3168/jds.2014-8436.
118. Shetty N., Difford G., Lassen J., Løvendahl P., Buitenhuis A.J. Predicting methane emissions of lactating Danish Holstein cows using Fourier transform mid-infrared spectroscopy of milk // *J. Dairy Sci.* 2017. 100: 9052 – 9060. doi.org/10.3168/jds.2017-13014.
119. Vanrobays M.L., Bastin C., Vandenplas J. et al. Changes throughout lactation in phenotypic and genetic correlations between methane emissions and milk fatty acid contents predicted from milk mid-infrared spectra // *J. Dairy Sci.* 2015. 99 (9): 7247 – 7260. doi: 10.3168/jds.2015-10646.
120. Laine A., Bastin C., Théron L., Gengler N. On the role of mid-infrared predicted phenotypes in fertility and health dairy breeding programs // *J. Dairy Sci.* 2015. 99 (5). doi:10.3168/jds.2015-10087.

УДК 612.08: [612.3:504.3]

## Современные методы исследования ферментации в рубце *in vitro*

Зеленченкова А.А.,  
Боголюбова Н.В.

ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста,  
Московская обл., Россия

**Аннотация.** Изучение ферментативных процессов, происходящих в рубце, представляет собой биотехнологический инструмент, позволяющим в краткосрочной перспективе понять физиологические аспекты жвачных животных, связанные с современными проблемами, такими как поиск новых источников питания, минимизация выбросов парниковых газов, образующихся при ферментации. Тип ферментации в рубце определяет то состояние процесса, при котором водород (H<sub>2</sub>) становится доступным для анаэробного брожения и включается в компоненты, используемые животным, или теряется с метаном (CH<sub>4</sub>). Несмотря на то, что методы *in vivo* являются золотым стандартом в определении газообразования в рубце, они не способны объяснить кинетику выработки ферментативных газов, в том числе метана. Цель статьи — описать основные ферментативные процессы в рубце жвачных животных и современные *in vitro* системы их регистрации. В обзоре также рассматриваются передовые, полностью автоматизированные устройства для определения газов методом *in vitro* в режиме реального времени, что является технологически ценным инструментом для оценки качества кормов и выбросов газообразных веществ, в том числе метана в исследованиях питания жвачных животных, и дается краткая характеристика современных ферментативных систем *in vitro* как зарубежных, так и отечественных разработок. По мере роста общественного интереса к благополучию животных научные исследования все больше сосредотачиваются на разработке менее инвазивных методов, таких как методы *in vitro*, для точного измерения выработки метана жвачными животными.

**Ключевые слова:** рубец, ферментация, *in vitro*, жвачные, кинетика метана.

**Для цитирования:** Зеленченкова А.А. Боголюбова Н.В. Современные методы исследования ферментации в рубце *in vitro* // Успехи наук о животных. 2025. № 3. С. 74—88. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.005

## Modern *in vitro* rumen fermentation research method

A.A. Zelenchenkova,  
N.V. Bogolyubova

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry  
Moscow Region, Russia

**Abstract.** Knowledge of ruminal enzymatic processes is a biotechnological tool that can short-term understand the physiological aspects of ruminants related to current issues such as the search for new feed sources, as well as the minimization of greenhouse gas emissions generated by fermentation. The type of fermentation in the rumen determines the state of the process where hydrogen (H<sub>2</sub>) either becomes available for anaerobic fermentation and is incorporated into components used by the animal, or is lost as methane (CH<sub>4</sub>). Although *in vivo* methods are the gold standard for determining ruminal gas production, they are unable to explain the kinetics of enzymatic gas production, including methane. The aim of this article is to outline the main enzymatic processes in the rumen of ruminants and modern *in vitro* systems for their registration. This review provides a brief description of ruminal enzymatic processes and simultaneously examines advanced, fully automated devices for *in vitro* gas determination in real-time, which is a technologically valuable tool for assessing feed quality and evaluating gaseous emissions, including methane, in ruminant nutrition studies, and a brief characterization of modern *in vitro* enzymatic systems, both foreign and domestic developments. As public interest in animal welfare grows, scientific research increasingly focuses on developing less invasive methods, such as *in vitro* methods, for accurately measuring methane production by ruminants.

**Keywords:** rumen, fermentation, *in vitro*, ruminants, methane kinetics.

**For citation:** Zelenchenkova AA, Bogolyubova NV. Modern *in vitro* rumen fermentation research method. Ernst Journal of Animal Science. 2025. 3: 74—88. Russian. doi: 10.25687/3034-493X.2025.4.3.005

**Р**убец – уникальный орган жвачных животных, который способен преобразовывать грубый корм посредством микробной ферментации. Ферментация в рубце, в свою очередь, это сложный процесс, осуществляемый симбиотической микробиотой, которая производит 70% суточной энергии жвачных животных в форме летучих жирных кислот (ЛЖК) [1]. Рубцовая ферментация регулируется и балансируется на основе поступающих с кормом питательных веществ, продукцией летучих жирных кислот и микробной конкуренцией [2]. Манипулирование микробиотой рубца – один из потенциальных подходов к усилению ферментативных процессов в рубце [3].

Начиная с сороковых годов двадцатого века, изучение особенностей пищеварения и обмена веществ у жвачных является предметом неослабевающего внимания со стороны физиологов, биохимиков, микробиологов, ветеринарных врачей и зоотехников. Знание ферментативных процессов, происходящих в рубце, представляет собой биотехнологический инструмент, который может в краткосрочной перспективе раскрыть физиологические аспекты жвачных животных, связанные с современными проблемами, такими как поиск новых источников питания, а также минимизировать выбросы парниковых газов [4], образующихся при ферментации [5].

Определение конечных продуктов ферментации, таких как газы и ЛЖК, имеет решающее значение для понимания того, как различные корма ферментируются в рубце. Вместе с тем исследование кинетики их производства является следующим важным шагом к получению более глубокого понимания метаболических процессов, приводящих к образованию метана ( $\text{CH}_4$ ) в рубце [6, 7].

Метан является побочным конечным продуктом пищеварения жвачных животных, производимым метаногенными микроорганизмами, археями, в процессе метаногенеза. Молекулярный  $\text{H}_2$ , образующийся, в первую очередь, во время ферментации углеводов, является основным субстратом для метаногенеза [8]. Скорость и тип ферментации зависят от таких физиологических факторов животных, как жевание, слюноотделение и кинетика пищеварения [9]. Метаногенные микроорганизмы накапливаются на ранних этапах жизни [8]. Стратегии смягчения включают изменения в рационе (например, отказ от рациона с высоким содержанием фуража), использование ингибиторов метанообразования (например, аналогов кофермента М, ингибиторов биосинтеза метаноптерина, нитросоединений и галогенированных соединений), а также добавление липидов или растительных соединений. Такие стратегии в основном нацелены на метаногенные археи путем прямого или косвенного снижения доступности субстрата [10]. Однако ингибирование метаногенеза также приводит к накоплению  $\text{H}_2$  из-за электронов, не используемых в образовании  $\text{CH}_4$ . Выявление поглотителей электронов в рубце, которые направляют избыток  $\text{H}_2$  на альтернативные пути, благоприятные для продуктивности животного, важно для стратегий снижения выбросов метана [11].

Методика ферментации *in vitro* использовалась в течение многих лет для оценки рубцовой ферментации кормов и в последнее время для оценки влияния различных стратегий питания на снижение продукции метана [12]. Несмотря на то, что методы *in vivo* являются золотым стандартом в определении выработки метана, они не способны объяснить кинетику производительности ферментативных газов, в том числе метана [7].

Все более важную роль в изучении ферментативных процессов играет рост инновационных технологий, позволяющих усовершенствовать основы классических методов. Традиционные процедуры являются трудоемкими, отнимают много времени, являются технически сложными, требуют квалифицированных специалистов и специализированного оборудования, поэтому внимание сосредотачивается на новых подходах и разработках [13].

**Цель** нашего обзора – обобщить знания о рубцовой ферментации и охарактеризовать современное технологическое оборудование в области изучения газообразования в рубце методом *in vitro*.

**Материал и методы.** При составлении обзора использовали научно-метрические базы данных: Российский индекс научного цитирования (РИНЦ), Web of Science, Scopus, Google Scholar за последние 5 лет. В качестве поискового запроса использовали слова и словосочетания: рубцовая ферментация жвачных животных, рубцовое пищеварение, газообразование, ферментация рубцового содержимого методом *in vitro*. При поиске иностранных источников использовали ключевые слова: ruminal fermentation of ruminants, ruminal digestion, gas formation of cicatricial contents, fermentation of ruminal contents by *in vitro* method. В процессе подготовки обзорной статьи дополнительно изучали книги, рекомендации, монографии по данному вопросу.

В результате поиска отобрано 56 источников, которые вошли в список использованной литературы.

**Рубцовая ферментация.** Рубец составляет 80% вместимости сложного желудка жвачных и содержит огромное количество микроорганизмов, обеспечивающих микробную ферментацию корма. Микробиота рубца, состоящая из бактерий, простейших, грибов и архей, расщепляет потребленную пищу, богатую клетчаткой. В рубце переваривается (сбраживается) ферментами, выделяемыми микробами, до 80% углеводов, протеина, а также небелковых азотистых веществ. Примерно 20% углевода корма доходит до кишечника, где они перевариваются и всасываются в виде глюкозы. В дорсальном пространстве рубца накапливаются газы: метан, азот, водород, сероводород, углекислый газ [14, 15].

Ферментация в рубце определяется как анаэробный (без использования кислорода) клеточный процесс, при котором органические продукты питания преобразуются в более простые соединения с высвобождением энергии. Конечным продуктом ферментативных процессов в рубце является летучие жирные кислоты (ЛЖК), которые непрерывно удаляются [16]. Основными короткоцепочечными жирными кислотами, служащими источником энергии, являются ацетат, пропионат и бутират. Ацетат и бутират в основном используются в липогенезе, тогда как пропионат необходим для поддержания уровня глюкозы в крови и энергетического баланса. Повышенное производство пропионата способствует улучшению скорости роста животных и эффективности конверсии корма, бутират оказывает противовоспалительное и иммуномодулирующее действие, способствуя пролиферации и дифференцировке эпителиальных клеток, укрепляя барьерную функцию рубца, подавляя выработку воспалительных факторов и снижая инвазию патогенов, тем самым улучшая общее состояние здоровья животного. Ацетат как предшественник синтеза молочного жира напрямую влияет на выход и качество молочного жира [17].

В рубце брожение в основном гетеролактическое с образованием многочисленных промежуточных продуктов (янтарная кислота, яблочная кислота, водород, этанол, а также лактат). Эти соединения обычно восстанавливаются ферментирующими микробами или другими микроорганизмами так, что первичными продуктами рубцовой ферментации являются летучие жирные кислоты, углекислый газ, восстановленные (гидрогенизированные) жирные кислоты и другие продукты, которые использовались в качестве акцепторов электронов или водорода (НАДН) (например, метан, нитрит или аммиак, сероводород), а также синтезированная микробная масса. Масса микробов, образующихся в процессе ферментации, обычно ограничивается запасом энергии (АТФ), получаемой в результате ферментации, или наличием других необходимых питательных веществ (например, аммиака) [18].

Брожение в рубце обеспечивает жвачных животных не только летучими жирными кислотами (ЛЖК). Часть отрицательного изменения энергии Гиббса ( $\Delta G$ ), связанного с брожением, используется микробами рубца для генерации АТФ, который может быть использован для роста микроорганизмов, активного транспорта субстратов и подвижности. Рост микроорганизмов приводит к образованию микробного белка, который является основным [19, 20] и наиболее экономичным источником аминокислот для жвачных животных. Микроорганизмы рубца также могут синтезировать водорастворимые витамины, поэтому их включение в рацион большинства жвачных животных не требуется [21].

Многим видам микроорганизмов требуется небольшое количества минералов. Только за счёт этих соединений многие виды бактерий процветают, синтезируя все необходимые органические вещества для роста и размножения. Этот процесс часто называют «*de novo*» или «из ничего». Взаимодействия минералов и микробов осуществляются в результате потока энергии и обмена веществ посредством окислительно-восстановительных реакций элементов. Минералы обеспечивают энергию [22] и питательные вещества для поддержания роста и функционирования микробов, в тоже время микробы влияют на растворение, трансформацию и образование минералов посредством метаболической активности [23]. В статье Ramsawroop и Kumar S. дана характеристика влияния минералов на микробную активность рубца, изложена роль основных макро- и микроэлементов в поддержании среды рубца и формировании ферментационной активности при использовании методов как *in vitro*, так и *in vivo* [24].

Другим видам микроорганизмов для роста требуются уже готовые органические вещества различной сложности (определённые аминокислоты или жирные кислоты, витамины). Эти микробы процветают, собирая соединения, которые они синтезируют с другими питательными веществами, полученными из окружающей среды или рациона, в микробное органическое вещество. Например, при выращивании в чистой культуре (в отсутствие других видов микроорганизмов) большинству видов рубцовых бактерий, переваривающих целлюлозу, для роста необходим источник жирных кислот с разветвлённой цепью или аминокислоты. Однако добавление этих питательных веществ в рацион жвачных животных не является необходимым, поскольку данные соединения производятся и выделяются другими видами бактерий в рубце, поэтому их естественного запаса вполне достаточно [16].

Внутри рубца корма образуют плавающий мат или плот. Непрерывные сокращения рубца проталкивают легкие частицы грубой пищи в средний слой, а более плотные вещества — в краниальный мешок рубца и сетку. Происходит инокулирование свежеупотреблённого корма и фуража с поддержанием тесного контакта между микробами и субстратами [14].

Компоненты корма переносят не только органические твердые вещества, но и воду, а также ограниченное количество кислорода. Корм, слюна и продукты жвачки (пережеванное повторно содержимое рубца) попадают в ретикуло-рубец через пищевод. Обмен через стратифицированную стенку рубца зависит от относительной осмолярности рубца по сравнению с кровью. Некоторые компоненты крови (мочевина, бикарбонат, ограниченное количество воды и кислорода) могут попадать в рубец путем диффузии из крови. Мочевина попадает в рубец как через слюну, так и путем диффузии через стенку рубца. При гидролизе мочевины образуется аммиак, источник азота (N) для микробов рубца, а также углекислый газ. Скорость поступления мочевины в рубец путем диффузии увеличивается за счет гидролиза до аммиака уреолитическими бактериями, находящимися в стенке рубца. Диффузия высвобождающегося аммиака, обладающего щелочной реакцией, в рубцовую массу ускоряется при низком pH рубца. Аналогичным образом бикарбонат поступает в рубец как через слюну, так и в результате обмена с летучими

жирными кислотами (ЛЖК) в процессе абсорбции (ионы ЛЖК обмениваются на бикарбонат). Следует отметить, что pH рубца может влиять на степень рециркуляции питательных веществ в рубце через многослойный эпителий стенки рубца [25, 26].

Удаление продуктов ферментации из рубца происходит тремя путями: отрыжка, диффузия в кровь или лимфу и промывка разжиженной пищей (химусом), содержащей твердые частицы, в книжку. Часть образующегося углекислого газа диффундирует из рубца в кровоток. Но большая часть углекислого газа, почти весь метан (из-за его низкой растворимости в крови) и большая часть сероводорода удаляются из рубца в виде газа посредством отрыжки. Органические кислоты (ЛЖК, лактат, который не считается летучим, как большинство других короткоцепочечных жирных кислот) удаляются из рубца в основном через эпителий рубца путем пассивной или ослабленной абсорбции. Другие абсорбированные соединения (аммиак, ионизированные минералы) покидают рубец через кровь или лимфатическую систему в зависимости от их растворимости. Микробные продукты и непереваренные компоненты корма, имеющие достаточную плотность и небольшие размеры, вымываются вместе с жидким пищеварением из рубца в книжку через ретикуло-базальное отверстие [16].

В рубце субстраты обычно расщепляются до мономеров, которые затем довольно быстро ферментируются или метаболизируются до углекислого газа и метана [16].

**Газообразование в рубце.** В процессе ферментации корма в рубце образуются газы, основные из которых углекислый газ ( $\text{CO}_2$ ), метан ( $\text{CH}_4$ ), водород ( $\text{H}_2$ ), азот ( $\text{N}_2$ ) и сероводород ( $\text{H}_2\text{S}$ ). Метан является естественным побочным продуктом микробной ферментации углеводов и, в меньшей степени, аминокислот в рубце. Синтез метана предположительно служит для выравнивания окислительно-восстановительного баланса, и его выход может варьироваться у разных животных, несмотря на одинаковые условия кормления [27].

Газовый состав обусловлен интенсивной ферментацией в рубце, осуществляемой резидентной микрофлорой. Внутренняя среда в рубце жвачных преимущественно анаэробная с содержанием углекислого газа (65%), метана (27%), азота (7%) и водорода (0,2%), кроме того, присутствуют следы кислорода, сероводорода и аммиака [28]. По данным Kumar S. и соавт. скорость образования газов в рубце обычно составляет 0,2–2,0 л/мин, которые могут выводиться из рубца в нормальных условиях путем отрыжки [29].

Количество кислорода в рубце всегда незначительно. Концентрация его бывает максимальной сразу же после кормления и затем быстро снижается. Углекислый газ обычно образуется в больших количествах. При этом часть его появляется в результате сбраживания корма (10 л на 100 г переваримой клетчатки), часть – в результате превращений щавелевоуксусной, пировиноградной кислот и глюкозы, и часть – при нейтрализации ЛЖК бикарбонатами слюны. Водород в рубце образуется одновременно с накоплением  $\text{CO}_2$ , и лишь при некоторых условиях, таких как голодание, нарушается процесс образования водорода и восстановления  $\text{CO}_2$ . В результате в рубце накапливается водород. Присутствующий обычно в газовой смеси азот попадает при кормлении, а сероводород накапливается при разложении серосодержащих аминокислот и восстановлении сульфатов в рубце [30]. Метан является естественным побочным продуктом микробной ферментации углеводов и, в меньшей степени, аминокислот в рубце. Большая часть метана образуется в результате восстановления  $\text{H}_2$  из  $\text{CO}_2$ , однако небольшая доля может получаться из формиата. Лишь два рода метаногенов: *Methanosarcina* и *Methanosaeta*, могут преобразовывать ацетат в  $\text{CO}_2$  и  $\text{CH}_4$  (ацетокластический метаногенез) [27].

Образующиеся при рубцовой ферментации газы удаляются из организма разными путями: большая часть их выделяется при отрыгивании, при этом раздражителем интерорецепторов служит *давление газов*, особенно в заднем слепом мешке. Частота

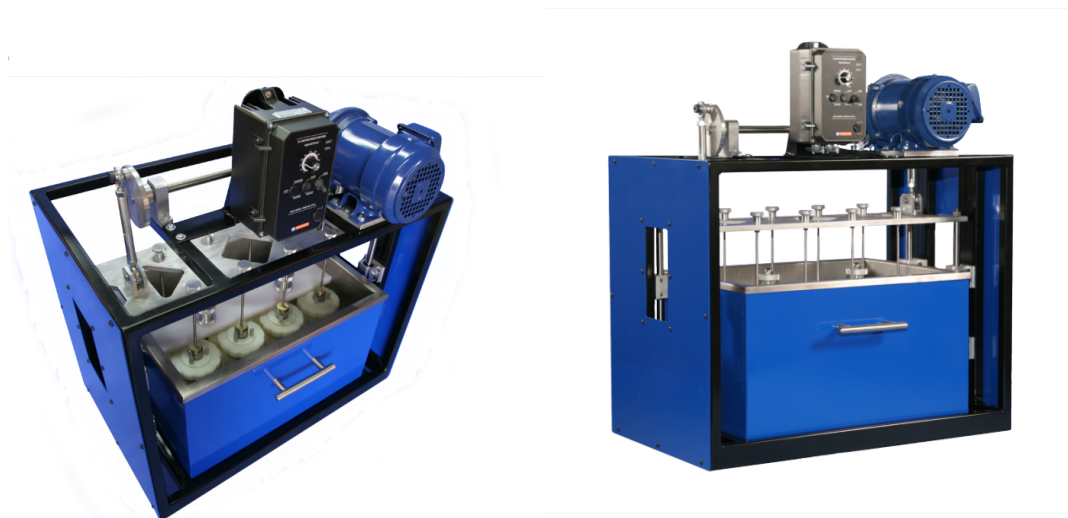
отрыжек зависит от количества накопившихся газов в дорзальном заднем слепом мешке рубца. Средний объем отрыгиваемых порций составляет 100 мл. Значительная часть газов всасывается из рубца и переносится кровью в легкие и там выделяется вместе с выдыхаемым воздухом [31, 32].

Количество метана, выделяемого животным, напрямую связано с количеством (энергетической ценностью) и качеством (усвояемостью) потребляемого корма. Если рацион имеет хорошую усвояемость, произведенная энергия используется для увеличения веса и производства в виде мяса или молока, тем самым уменьшая энергию, необходимую для образования  $\text{CH}_4$ , которая в нормальных условиях составляет от 3% до 8% потребляемой энергии [9].

В последние годы метод получения газа *in vitro* (GP) регулярно применяется для оценки питательной ценности кормов для жвачных животных. Наиболее распространенные методы были разработаны для измерения GP из образцов корма, инкубированных в стеклянных шприцах при атмосферном давлении [33] или в ферментационных сосудах, где газ измеряется в течение всего времени инкубации [34] или регулярно выпускается в фиксированное время [35] или при фиксированном давлении [36]. В последнее время оборудование было адаптировано для определения состава газов, в частности метана ( $\text{CH}_4$ ), получаемого при ферментации рубца *in vitro*.

**Современное оборудование *in vitro* для определения ферментации рубца.** Из-за сложности и стоимости методологий оценки энтеральных выбросов  $\text{CH}_4$  непосредственно у животных возможность получения результатов с помощью систем *in vitro* является потенциальной альтернативой, главным образом, для обеспечения первоначального скрининга большего количества образцов с различными альтернативами для снижения метаногенеза, такими как танины, вторичные метаболиты растений и эфирные масла [37].

Могут быть использованы различные *in vitro* методы: от систем периодического культивирования [38, 39] до непрерывных ферментеров, таких как RUSITEC [40] или двухпоточной системы непрерывного культивирования (рис.1, 2, 3) [41].



**Рисунок 1.** Прибор Rusitec модели 3896 обеспечивает полуавтоматический процесс ферментации в рубце [42].



Рисунок 2. Полунепрерывная система TANUVAS-RUSITEC культивирования *in vitro* [43].



Рисунок 3. Двухпоточная система непрерывной ферментации культуры «Искусственные рубцы» [44].

В системах периодического культивирования метод получения газа *in vitro* широко применяется для определения питательной ценности кормов через кинетику ферментации [45].

Некоторые системы измеряют продукцию  $\text{CH}_4$  на протяжении всей инкубации, в других же системах  $\text{CH}_4$  определяется в конце ферментации. Оптимальное время ферментации не установлено, и, вероятно, оно варьируется, поскольку конечное количество  $\text{CH}_4$  может представлять собой потенциальное образование  $\text{CH}_4$ , а не фактическое производство  $\text{CH}_4$ , если время инкубации, используемое *in vitro*, превышает среднее время удержания корма в рубце. Danielsson R. И соавт. в своих исследованиях

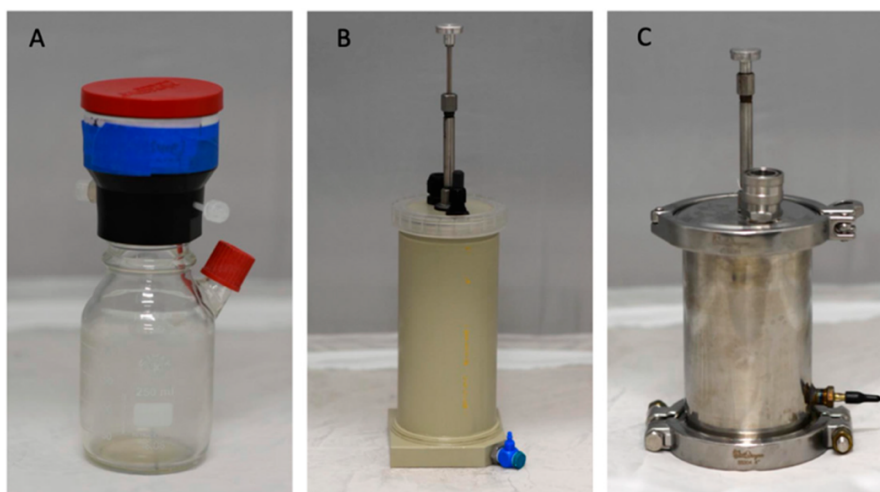
сообщили о высокой корреляции ( $r = 0,98$ ) между системами *in vitro* и системами стойлового содержания (система мониторинга выбросов GreenFeed), хотя значения были занижены (399 против 418 л/д соответственно) [46].

Большинство методов *in vitro* основаны на двухэтапном методе Tilley J, Terry R., который состоит из моделирования условий рубца (температуры, pH и анаэробнозиса) с использованием инокулята рубца (профильтрованной жидкости рубца), буфера для предотвращения значительных колебаний pH и среды для обеспечения необходимыми питательными веществами микробиоты рубца [47]. Выработка  $\text{CH}_4$  обычно выражается на основе инкубированного или переваренного сухого вещества или органического вещества и более тесно коррелирует с уровнем  $\text{CH}_4$  *in vivo*, выраженного на единицу деградированного материала [6].

В результате лабораторные методы широко используются исследователями в качестве заменителя *in vivo*-исследований. Источником инокулята предпочтительно служит рубцовая жидкость, полученная от животных, ранее адаптированных к рациону, аналогично исследуемому *in vitro*. При отсутствии канюлированных животных в качестве доноров вместо свежей рубцовой жидкости используется рубцовая жидкость с боен или фекалии [48].

В связи с растущим интересом к выбросам парниковых газов (ПГ) в сельском хозяйстве в последние годы традиционные методы определения ферментативных газов были модифицированы и теперь непременно включают измерение образования метана. Приведем несколько современных автоматизированных ферментаторов.

**Системы искусственного рубца *in vitro*.** Центральным элементом систем искусственного рубца (СИР) является сосуд, в который вносят рубцовую жидкость. Независимо от того, работает ли СИР как периодическая или полунепрерывная система, все они направлены на поддержание среды, сопоставимой с рубцом и способной поддерживать популяции микроорганизмов, обычно присутствующих в нем, путем поддержания анаэробных условий в течение всего периода инкубации. Упрощенные системы периодического действия обычно состоят из сосудов, заполненных содержимым рубца, которые либо помещаются в водяную баню, либо окружаются нагревательной рубашкой для поддержания рабочей температуры 38-39 °С, что соответствует температуре рубца. Типы используемых сосудов представлены на рисунке 4 [49].



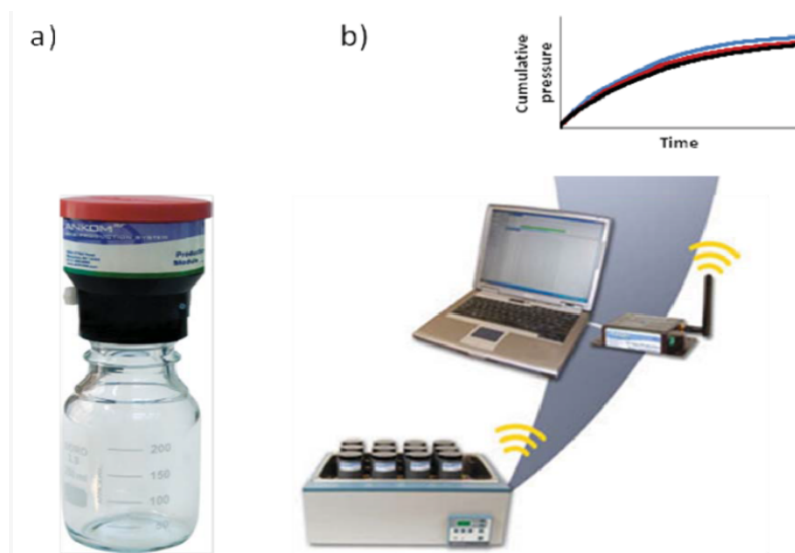
*Примечание:* А – система периодической ферментации Ankom; В – полипропиленовый ферментационный сосуд системы RUSITEC PP; С – система ферментации из нержавеющей стали для платформы RUSITEC Prime.

**Рисунок 4.** Сосуды для *in vitro* рубцовой ферментации [50]

Первый стеклянный сосуд (А) представлен ферментативной системой производства газа Ankom RF (Ankom Technology RF Gas Production System, Macedon, NY, USA) объемом 300 мл. Второй сосуд (В) выполнен из полипропилена (ПП) объемом 1 л и используется в системе полунепрерывной ферментации на методе моделирования рубца (RUSITEC), разработанном Czerkawski J. и Breckenridge G. Третий сосуд (С) также из системы полунепрерывной ферментации RUSITEC, в которой сосуды из полипропилена объемом 1 л были заменены сосудами, изготовленными из пищевой нержавеющей стали с тремя зажимами.

В обзорной статье М.А. Аринжановой [12] дано подробное описание конфигурации и результативности ранних и более современных моделей искусственных рубцовых ферментеров, однако за последние два года появились новые модификации ферментативных систем *in vitro*. Усовершенствованные системы периодического действия оснащены датчиком давления и клапаном, позволяющим измерять газообразование в режиме реального времени, описание представлено ниже.

**Газовая система ANKOM.** Системы получения газа ANKOM RF (ANKOM Technology, Маседон, штат Нью-Йорк, США) оснащен 22 блоками, которые автоматически высвобождают накопленный газ в газовом пространстве колбы под давлением 0,7 фунта на квадратный дюйм через сенсорный модуль ANKOM.



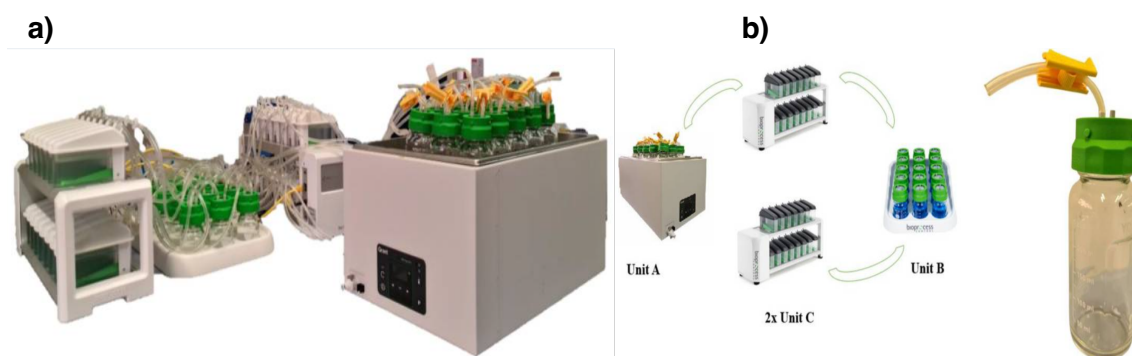
Примечание: а) Отдельный модуль производства газа – непрерывно измеряет давление от ферментации в банке и выпускает газ при определенной заданной точке выше атмосферного давления; б) Данные передаются по беспроводной связи со всех модулей, которые могут инкубироваться в водяной бане или инкубаторе.

**Рисунок 5.** Иллюстрация системы *in vitro* измерения газообразования ANKOM RF [51].

Система измерения газообразования ANKOM RF обеспечивает простой в использовании метод мониторинга и измерения газов, образующихся в процессе анаэробного или аэробно-ферментативного сбраживания. Система состоит из флаконов для образцов объемом 100 мл, 250 мл, 500 мл и 1000 мл. Все бутылки для отбора проб могут быть оснащены дополнительным отверстием-перегородкой, которое можно использовать для отбора проб жидкости во время работы или в качестве альтернативного метода отбора проб газа из верхнего пространства. Базовый комплект RF (RFS) включает в себя пять беспроводных преобразовательных модулей (RF1), способных измерять давление и температуру, эталонный модуль, который регистрирует давление окружающей среды,

беспроводной базовый координатор, операционное программное обеспечение (требуется Windows XP™ или более поздняя версия), перезаряжаемые аккумуляторные батареи, станцию для зарядки десяти аккумуляторных батарей и дополнительные приспособления. Давление (или вакуум), создаваемое в каждом баллоне, и температура окружающей среды в модуле контролируются и регистрируются с заданными пользователем интервалами. По мере формирования отдельных значений давления и температуры они записываются в стандартные электронные таблицы Microsoft Excel для легкого анализа и построения графиков. Во время работы также предусмотрено построение графиков в реальном времени для мгновенной обратной связи по процессу. Пользователь может выбрать температуру в °C или °F и давление в фунтах на квадратный дюйм или миллибар (мбар). Система может быть использована для любого применения, требующего измерения добычи газа, вакуума и/или температуры [51, 52].

**Газовая система Endeavour.** Gas Endeavour (GES) – автоматическая система измерения расхода газа, разработанная BPC Instruments (Лунд, Швеция), представляет собой объемный газоизмерительный аппарат, способный обнаруживать низкие объемы газа (рис. 2а и 2б), функционирует как анаэробная система периодической ферментации [53].



*Примечание:* а) Газовая система Endeavour; б) Детали Gas Endeavour: блок А – водяная баня, блок В – блок поглощения углекислого газа, блок С – ячейки для измерения газа и реакторный баллон.

**Рисунок 6.** Иллюстрация системы *in vitro* измерения газообразования Gas Endeavour [7].

GES работает на принципах вытеснения жидкости и плавучести для измерения GP. Данное устройство позволяет проводить одновременный анализ нескольких образцов в термостатируемой водяной бане, которая содержит 15–18 бутылок для переваривания, непрерывно встряхиваемых с определенной скоростью вращения. Водяная баня, которая служит инкубатором, поддерживает постоянную температуру 39 °C с помощью автоматического регулятора нагрева. Образцы взвешиваются непосредственно в бутылках вместе с инокулятом (жидкостью рубца) и буферным раствором. Продолжительность инкубации зависит от целей исследования и обычно длится до 140 часов для характеристики корма. GES оценивает не только добычу газа и метана, но и их кинетику. GES – это работающий в режиме реального времени инструмент, предназначенный для измерения кинетики как общей добычи газа, так и метана в секторе биотоплива.

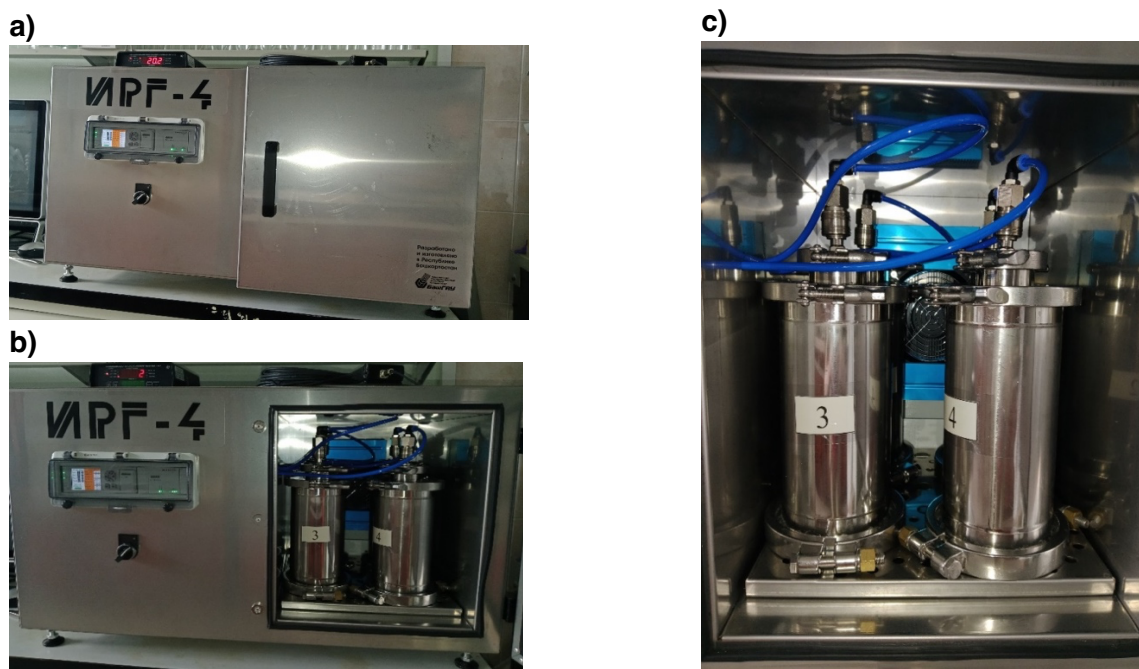
В области питания животных GES все еще является новым инструментом и по сравнению с другими методами требует дальнейшей проверки данных и разработки стандартизированных протоколов для обеспечения надежности в этом контексте [7].

В принципе, эта методика похожа на другие процедуры *in vitro* по усвояемости с использованием измельченных субстратов, анаэробных сред и инокулята рубцовой жидкости. Однако она отличается тем, что инкубации проводятся в газонепроницаемых

культуральных бутылках, что позволяет газам накапливаться в свободном пространстве по мере протекания ферментации. Затем датчик давления, подключенный к цифровому вольтметру и газонепроницаемому шприцевому узлу, используется для измерения и сброса накопленного давления газа из инкубационных культуральных бутылей. Повторяя эту процедуру измерения газа и выпуска газа через регулярные интервалы во время ферментации, можно построить профили накопления газа для кормов путем суммирования скорректированных с помощью регрессии объемов газа. Затем эти профили описываются с использованием недавно выведенной функции роста, разработанной для характеристики профилей производства газа. Полученные результаты свидетельствуют о том, что датчик давления является подходящим инструментом для определения кинетики ферментации кормов для жвачных животных и их ранжирования по способности к ферментации *in vitro* [38].

**Ферментативная установка ИРГ-4.** В 2024-2025 гг. в рамках реализации национального проекта «Наука и университеты» молодежной лабораторией фундаментальных основ питания сельскохозяйственных животных и рыб ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста совместно с технологами из Башкирского Университета был спроектирован макет и разработана установка «искусственного рубца» с непрерывным определением ферментативных газов. Данный прибор позволяет изучать ферментативные процессы при рубцовом пищеварении с возможностью моделирования условий окружающей среды (температура, давление, подпитка воздухом).

Ферментативная установка ИРГ-4 является отечественной разработкой полезной модели для индивидуального учета газообразования при ферментативных процессах методом *in vitro*. Данная установка позволяет регистрировать количество выделяемых антропогенных газов – углекислый газ ( $\text{CO}_2$ ), метан ( $\text{CH}_4$ ), аммиак ( $\text{NH}_3$ ), сероводород ( $\text{H}_2\text{S}$ ), а также дополнительно регистрирует уровень кислорода ( $\text{O}_2$ ) из биологических субстратов. Вид установки представлен на рисунке 3 (а, б, в).



**Примечание:** а) Газовая система ИРГ-4; б) Передача индивидуальных данных со всех реакторов, которые могут инкубироваться в установке; в) Герметичные реакторы с индивидуальным патрубком отвода газов.

**Рисунок 7.** Иллюстрация системы *in vitro* измерения газообразования ИРГ-4.

Установка состоит из термостата с ферментаторами (реакторы), ресивера, вакуумного насоса, системы трубок с электромагнитными клапанами и фильтрами (рис.3). Управляется установка с помощью программируемого реле. Для анализа состава выделившихся газов к ресиверу подключается газоанализатор с индивидуальным учетом газов.

Ферментаторы (реакторы) представляют собой герметичные вертикальные цилиндрические емкости, на крышках которых установлены датчики давления, патрубков для отвода образовавшихся газов. Мешалка для перемешивания содержимого реактора может устанавливаться по необходимости. В термостате поддерживается заданная по условиям эксперимента температура, значение которой может меняться в зависимости от задач.

В процессе анаэробного сбраживания содержимого реактора образуется смесь газов, которая накапливается в верхней части реактора, что приводит к увеличению давления. При достижении заданного давления газа ( $P_{max}$ ) в ферментаторе открывается установленный на его крышке электромагнитный клапан и образовавшийся газ перетекает в ресивер до тех пор, пока давление в ферментаторе не снизится до рабочего ( $P_{раб.}$ ). Перед началом работы ресивер установки вакуумируется для удаления содержащихся в нем газов и создания условий для перетекания газа из ферментатора. По изменению давления в ресивере определяется количество поступившего в него газа. Замеряется температура и влажность газовой смеси в ресивере, с помощью газоанализатора определяется газовый состав. После проведения измерений ресивер продувается атмосферным воздухом и вакуумируется для подготовки к проведению измерений из следующего ферментера.

После загрузки ферментаторов установка работает в автоматическом режиме по заданной программе.

**Заключение.** Рубцовая ферментация, с одной стороны, влияет на продуктивность животных, с другой стороны, оказывает воздействие производства жвачных на окружающую среду. Выброс в атмосферу метана, образующегося в рубце, приводит к потере энергии и является причиной изменения климата, а профиль летучих жирных кислот, образующихся в рубце, влияет на постабсорбтивный метаболизм животного-хозяина. Рубцовая ферментация формируется внутриклеточными и межклеточными потоками метаболического водорода, сосредоточенными на продукции, межвидовом переносе и включении дигидрогена в конкурирующие пути. Факторы, влияющие на рост метаногенов и скорость ферментации корма, влияют на концентрацию дигидрогена в рубце, которая, в свою очередь, контролирует баланс между путями производства и включением метаболического водорода, определяя продукцию метана и профиль летучих жирных кислот. Потоки метаболического водорода к питательно полезным поглотителям могут быть усилены путем добавления к процессам рубцовой ферментации акцепторов электронов или непосредственного введения микроорганизмов [54].

По мере роста общественного интереса к благополучию животных научные исследования все больше сосредотачиваются на разработке менее инвазивных методов, таких как методы *in vitro*, для точного измерения выработки метана жвачными животными [55].

Сложность пищеварения жвачных требует большего разнообразия и глубины экспериментальных методов, чем у-других видов животных [56].

Расширение знаний в отношении осуществляемых микроорганизмами биохимических превращений веществ корма в рубце, всасывания и метаболизма возникающих при этом в конечных продуктах в значительной мере продвинуло вперед решение таких вопросов, как оценка питательности и повышение эффективности использования кормов, повышение продуктивности молочного и откармливаемого скота,

лечение и профилактика ряда специфических незаразных заболеваний жвачных. Методы *in vitro* являются вспомогательным инструментом, позволяющим в лабораторных условиях за короткий промежуток времени и с минимальными затратами проводить большое количество экспериментов. В последнее время появляются новые технические решения, обеспечивающие такого рода исследования.

Работа выполнена в рамках реализации национального проекта «Наука и университеты» (ГЗ FGGN-2025-0006).

### Литература

1. Yeoman C.J., White B.A. Gastrointestinal tract microbiota and probiotics in production animals // *Annu Rev Anim Biosci.* 2014. Vol. 2. P. 469 – 486. DOI: 10.1146/annurev-animal-022513-114149.
2. Cammack K.M., Austin K.J., Lamberson W.R. et al. RUMINNAT NUTRITION SYMPOSIUM: Tiny but mighty: the role of the rumen microbes in livestock production // *J. Anim. Sci.* 2018. Vol. 96. Iss. 2. P. 752 – 770. DOI: 10.1093/jas/skx053.
3. Eisler M.C., Lee M.R., Tarlton J.F. et al. Agriculture: steps to sustain-able livestock // *Nature.* 2014. Vol. 507. P. 32 – 34. DOI: 10.1038/507032a.
4. Castillo C., Hernández J. Ruminal Fistulation and Cannulation: A Necessary Procedure for the Advancement of Biotechnological Research in Ruminants // *Animals (Basel).* 2021. Vol. 11. Iss.7. P. 13. DOI: [10.3390/ani11071870](https://doi.org/10.3390/ani11071870).
5. Harmon D.L., Richards C.J. Considerations for gastrointestinal cannulations in ruminants // *J. Anim. Sci.* 1997. Vol. 75. P. 2248 – 2255. DOI: 10.2527/1997.7582248x.
6. Yáñez-Ruiz D.R., Bannink A., Dijkstra J. et al. Design, implementation and interpretation of *in vitro* batch culture experiments to assess enteric methane mitigation in ruminants—a review // *Anim. Feed Sci. Technol.* 2016. Vol. 216. P. 1 – 18. DOI: 10.1016/j.anifeedsci.2016.03.016.
7. Iqbal R., Arango S., Tagliapietra F. et al. Gas Endeavour: An Innovative Equipment for Estimating Methane Kinetics During *In Vitro* Rumen Fermentation // *Animals (Basel).* 2025. Vol. 15. Iss. 9. P. 21. DOI: [10.3390/ani15091331](https://doi.org/10.3390/ani15091331).
8. Li Q., Ma Z., Huo J. et al. Distinct microbial hydrogen and reductant disposal pathways explain interbreed variations in ruminant methane yield // *ISME J.* 2024. Vol. 18. Iss. 1. 16 p. DOI: 10.1093/ismej/wrad016.
9. Getabalew M., Alemneh T., Akebereg D. Methane production in ruminant animals: implication for their impact on climate change // *Concepts of Dairy & Veterinary Sciences.* 2019. Vol. 2. Iss. 4. P. 204 – 211. DOI: 10.32474/CDVS.2019.02.000142.
10. Lozano M.G., Yadira P.G., Abigail K. et al. Livestock methane emission: microbial ecology and mitigation strategies // *Livestock Science / S. Sekkin (ed.). InTech.* 2017. P. 162. DOI: 10.5772/65859.
11. Ungerfeld E.M. A theoretical comparison between two ruminal electron sinks // *Front. Microbiol.* 2013. Vol. 4. 319 p. DOI:10.3389/fmicb.2013.00319.
12. Аринжанова М. С. Анализ совершенствования технологии сохранения рубцовой жидкости. Искусственные рубцы жвачных животных // *Животноводство и кормопроизводство.* 2022. Т. 105. № 2. С. 70 – 83. DOI: 10.33284/2658-3135-105-2-70.
13. Akhigbe I.B., Munir K., Akinade O. et al. IoT technologies for livestock management: a review of present status, opportunities, and future trends // *Big Data Cogn. Comput.* 2021. Vol. 5. Iss. 1. e10. DOI: 10.3390/bdcc5010010.
14. Азимов Г.И., Бойко В.И., Елисеев А.П. Анатомия и физиология сельскохозяйственных животных. 3-е изд. М.: Колос, 1978. 415 с.
15. Reddy P.R.K., Hyder I. Ruminant Digestion // *Textbook of Veterinary Physiology / P.K. Das, V. Sejian, J. Mukherjee, D. Banerjee (eds). Springer, Singapore, 2023. P. 353 – 366. URL: [https://doi.org/10.1007/978-981-19-9410-4\\_14](https://doi.org/10.1007/978-981-19-9410-4_14).*
16. Owens F.N., Basalan M. Ruminal Fermentation // *Rumenology.* 2016. P. 63 – 102. URL: [https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-30533-2\\_3#Sec14](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-30533-2_3#Sec14).
17. Shi J., Su H., He S. Pan-genomic insights into rumen microbiome-mediated short-chain fatty acid production and regulation in ruminants // *Microorganisms.* 2025. Vol. 13. Iss. 6. 21 p. DOI:10.3390/microorganisms13061175.
18. Lingen H.J. van, Plugge C.M., Fadel J.G. Thermodynamic driving force of hydrogen on rumen microbial metabolism: a theoretical investigation // *PLoS One.* 2016. Vol. 11. Iss. 10. 18 p. DOI: 10.1371/journal.pone.0161362.

19. Wallace R.J., Onodera R., Cotta M.A. Metabolism of nitrogen-containing compounds // *The Rumen Microbial Ecosystem* / P.N. Hobson, C.S. Stewart (eds). Springer. Dordrecht, 1997. P. 283 – 328. URL: [https://doi.org/10.1007/978-94-009-1453-7\\_7](https://doi.org/10.1007/978-94-009-1453-7_7).
20. Hackmann T.J., Firkins J.L. Maximizing efficiency of rumen microbial protein production // *Front. Microbiol.* 2015. Vol. 6. 16 p. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00465.
21. Weiss W.P. A 100-year review: from ascorbic acid to zinc – Mineral and vitamin nutrition of dairy cows // *J. Dairy Sci.* 2017. Vol.100. P. 10045 – 10060. DOI:10.3168/jds.2017-12935.
22. Shi L., Dong H., Reguera G. et al. Extracellular electron transfer mechanisms between microorganisms and minerals // *Nat Rev Microbiol.* 2016. Vol. 14. Iss. 10. P. 651 – 662. DOI:10.1038/nrmicro.2016.93.
23. Moore E.K., Jelen B.I., Giovannelli D. et al. Metal availability and the expanding network of microbial metabolisms in the Archaean eon // *Nat Geosci.* – 2017. Vol. 10. P. 629 – 636. DOI: 10.1038/ngeo3006.
24. Ramsawroop Kumar S. Effect of minerals on rumen microbial activity // *Animal Nutrition.* 2021. URL: <https://epashupalan.com/10410/animal-nutrition/effect-of-minerals-on-rumen-microbial-activity/>.
25. Souza V.C., White R.R. Variation in urea kinetics associated with ruminant species, dietary characteristics, and ruminal fermentation: A meta-analysis // *J. Dairy Sci.* 2021. Vol. 104. Iss. 3. P. 2935 – 2955. DOI: 10.3168/jds.2020-19447.
26. Silva L.F.P., Dixon R.M., Costa D.F.A. Nitrogen recycling and feed efficiency of cattle fed protein-restricted diets // *Anim. Prod. Sci.* 2019 Vol. 59. Iss. 11. P. 2093 – 2107. DOI: 10.1071/AN19234.
27. Samal L., Dash S.K. Nutritional Interventions to Reduce Methane Emissions in Ruminants // *Animal Feed Science and Nutrition-Production, Health and Environment.* IntechOpen, 2022. 174 p. DOI: 10.5772/intechopen.101763.
28. Xu Q., Qiao Q., Gao Y. et.al. Gut Microbiota and Their Role in Health and Metabolic Disease of Dairy Cow // *Front. Nutr. Sec. Nutrition and Microbes.* 2021. Vol. 8. P. 13. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.701511>.
29. Kumar S., Dagar S.S., Puniya A.K. et.al. Changes in methane emission, rumen fermentation in response to diet and microbial interactions // *Res Vet Sci.* 2013. Vol. 94. P. 263 – 268. DOI:10.1016/j.rvsc.2012.09.007.
30. Курилов Н.В., Короткова А.П. Физиология и биохимия пищеварения жвачных. М.: Колос, 1971. 432 с.
31. Алиев А.А. Обмен веществ у жвачных животных. – М.: НИЦ Инженер, 1997. С. 36.
32. DePeters E.J., George L.W. Rumen transfaunation // *Immunol Lett.* 2014. Vol. 162. Iss. 2. P. 69 – 76. DOI: 10.1016/j.imlet.2014.05.009.
33. Maccarana L., Cattani M., Tagliapietra F. et al. Methodological factors affecting gas and methane production during in vitro rumen fermentation evaluated by meta-analysis approach // *J. of Animal Science and Biotechnology.* 2016. Vol. 7. P. 35.
34. Pell A.N., Schofield P. Computerized monitoring of gas production to measure forage digestion in vitro // *J. Dairy Sci.* 1993. Vol. 76. Iss. 4. P. 1063 – 1073.
35. Theodorou M.K., Williams B.A., Dhanoa M.S. et al. A simple gas production method using a pressure transducer to determine the fermentation kinetics of ruminant feeds // *Anim Feed Sci Technol.* 1994. T. 4. Vol. 3. Iss. 4. P. 185 – 197.
36. Davies Z.S., Mason D., Brooks A.E. et al. An automated system for measuring gas production from forages inoculated with rumen fluid and its use in determining the effect of enzymes on grass silage // *Anim Feed Sci Technol.* 2000. T. 83. Vol. 3. Iss. 4. P. 205 – 221.
37. Tedeschi L.O., Muir J.P., Naumann H.D. et al. Nutritional aspects of ecologically relevant phytochemicals in ruminant production // *Front. Vet. Sci.* 2021. Vol. 8. P. 24. DOI: 10.3389/fvets.2021.628445.
38. Theodorou M.K., Williams B.A., Dhanoa M.S. et al. A simple gas production method using a pressure transducer to determine the fermentation kinetics of ruminant feeds // *Anim. Feed Sci. Technol.* 1994. Vol. 48. P. 185 – 197. DOI: 10.1016/0377-8401(94)90171-6.
39. Mauricio R.M., Mould F.L., Dhanoa, M.S. et al. A semi-automated in vitro gas production technique for ruminant feedstuff evaluation // *Anim. Feed Sci. Technol.* 1999. Vol. 79. P. 321 – 330. DOI: 10.1016/S0377-8401(99)00033-4.
40. Czerkawski J.W., Breckenridge G. Design and development of a long-term rumen simulation technique (RUSITEC) // *Br. J. Nutr.* 1977. Vol. 38. P. 371 – 384. DOI: 10.1079/bjn19770102.
41. Hoover W.H., Stokes S.R. Balancing carbohydrates and proteins for optimum rumen microbial yield // *J. Dairy Sci.* 1991. Vol. 74. P. 3630 – 3644. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(91)78553-6.
42. Automated fermenter. Elementec. Rusitec Model 3896. 2024. URL: <https://www.elementec.ie/product/rusitec-model-3896> (дата обращения: 22.07.2025).

43. An in vitro semi continuous culture system. TANUVAS-Technologies. TANUVAS-RUSITEC. 2014. URL: [https://agritech.tnau.ac.in/animal\\_husbandry/animhus\\_tanuvastech equipments\\_resitec.html](https://agritech.tnau.ac.in/animal_husbandry/animhus_tanuvastech equipments_resitec.html) (дата обращения: 22.07.2025).
44. Gomez A.M., Stern M.D., Salfer I. The role of the rumen microbiome in the digestion of dairy cows // Innovation News Network. 2020. URL: <https://www.innovationnewsnetwork.com/the-role-of-the-rumen-microbiome-in-the-digestion-of-dairy-cows/7751/> (дата обращения: 22.07.2025).
45. Getachew G., Blümmel M., Makkar H.P.S. et al. In vitro gas measuring techniques for assessment of nutritional quality of feeds: a review // Anim. Feed Sci. Technol. 1998. Vol. 72. P. 261 – 281. DOI: 10.1016/S0377-8401(97)00189-2.
46. Danielsson R., Ramin M., Bertilsson J. et al. Evaluation of a gas in vitro system for predicting methane production in vivo // J. Dairy Sci. 2017. Vol. 100. P. 8881 – 8894. DOI: 10.3168/jds.2017-12675.
47. Tilley J.M.A., Terry R.A. et al. A two-stage technique for the in vitro digestion of forage crops // J. Br. Grassl. Soc. 1963. Vol. 18. P. 104 – 111. DOI: 10.1111/j.1365-2494.1963.tb00335.x.
48. Fon F.N. Laboratory cultured faecal inoculum as a substitute for fresh rumen inoculum for in vitro feed evaluation // African Journal of Agricultural Research. 2012. Vol. 7. Iss. 49. P. 6595 – 6604. DOI: 10.5897/AJAR12.1634.
49. Min B.R., Castleberry L., Allen H. et al. Associative effects of wet distiller's grains plus solubles and tannin-rich peanut skin supplementation on in vitro rumen fermentation, greenhouse gas emissions, and microbial changes // J. Anim. Sci. 2019. Vol. 97. P. 4668 – 4681.
50. Shaw C.A., Park Y., Gonzalez M. et al. A Comparison of Three Artificial Rumen Systems for Rumen Microbiome Modeling // Fermentation. 2023. Vol.9. Iss.11. P. 953. URL: <https://doi.org/10.3390/fermentation9110953>.
51. Storm I.M.L.D., Hellwing A.L.F. Nielsen N.I. et al. Methods for Measuring and Estimating Methane Emission from Ruminants // Animals. 2012. Vol. 2. Iss. 2. P. 160 – 183. DOI: [10.3390/ani2020160](https://doi.org/10.3390/ani2020160).
52. Система добычи газа АНКОН : сайт. URL: <https://www.ankom.com/product-catalog/ankom-rf-gas-production-system> (дата обращения 22.07.2025).
53. Gas Endeavour Anaerobic Testing Handbook BPC Instruments. Version 1.0. BPC Instruments AB. Lund, Sweden. 2024 : сайт. URL: [https://bpcinstruments.com/wp-content/uploads/2022/02/2022\\_Gas-Endeavour-Manual.pdf](https://bpcinstruments.com/wp-content/uploads/2022/02/2022_Gas-Endeavour-Manual.pdf). (дата обращения 22.07.2025).
54. Ungerfeld E. M. Metabolic Hydrogen Flows in Rumen Fermentation: Principles and Possibilities of Interventions // Front Microbiol. 2020. Vol. 11. P. 589. DOI: 10.3389/fmicb.2020.00589.
55. Almeida A.K., Hegarty R.S., Cowie A. Meta-analysis quantifying the potential of dietary additives and rumen modifiers for methane mitigation in ruminant production systems // Anim. Nutr. 2021. Vol. 7. P. 1219 – 1230. DOI: 10.1016/j.aninu.2021.09.005.
56. Harmon D.L., Richards C.J. Considerations for gastrointestinal cannulations in ruminants // J. Anim. Sci. 1997. Vol. 75. P. 2248 – 2255. DOI: 10.2527/1997.7582248x.

**№3**  
2025 г.

# УСПЕХИ НАУК О ЖИВОТНЫХ

Сетевое научное издание

## ПРАВИЛА ДЛЯ АВТОРОВ



## КОНТАКТЫ

**Ершова Анастасия Игоревна**

Email: [ernst\\_journal@vij.ru](mailto:ernst_journal@vij.ru)

Телефон: +7(4967)-65-11-44

Адрес редакции: 142132, Московская обл.,  
г.о. Подольск, пос. Дубровицы, д. 60