

УДК 636.082
EDN OTCYBB
DOI 10.71453/3034-4174-2025-3-40



ОЦЕНКА ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ

Зубова Татьяна Владимировна, доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры¹

ORCID 0000-0002-8492-3130

Чалова Наталья Анатольевна, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры зоотехнии¹

ORCID 0000-0003-2682-2371

¹Кузбасский государственный аграрный университет имени Н. В. Полецкого, г. Кемерово

Аннотация. В статье исследована проблема оценки племенной ценности быков-производителей. Цель статьи – комплексная оценка современных методов определения племенной ценности быков-производителей для повышения эффективности селекционной работы в молочном скотоводстве.

В качестве материала исследования были проанализированы данные зарубежных и российских авторов по исследованию племенных качеств быков. В Российской Федерации, как и во многих других странах, оценка племенной ценности быков-производителей осуществляется с использованием комбинации подходов, адаптированных к местным условиям и особенностям ведения сельского хозяйства. Особое внимание уделяется анализу продуктивности дочерей в различных регионах страны, что позволяет учитывать влияние климатических и кормовых факторов на их продуктивные качества.

Современные методы оценки племенной ценности быков-производителей претерпели значительные изменения благодаря внедрению геномных технологий. Традиционные подходы, основанные на анализе родословных и оценке по качеству потомства, дополняются современными методами геномной селекции, что существенно повышает точность прогнозирования племенного потенциала животных. Ключевым достижением современной селекции стало внедрение геномной оценки,

позволяющей определять племенную ценность животных на ранних этапах их развития. Точность такого прогнозирования достигает 70–90 % по различным признакам, что значительно превосходит возможности классических методов оценивания.

Перспективы развития племенного животноводства связаны с дальнейшим совершенствованием методов геномной оценки и созданием единой системы племенного учета. Это позволит максимально эффективно использовать генетический потенциал племенных животных и обеспечить устойчивое развитие молочного скотоводства. Комплексная оценка позволяет более точно определить ценность производителя для конкретного стада и целей селекции. Результаты оценки племенной ценности быков-производителей используются для планирования селекционной работы, формирования родительских пар и повышения генетического потенциала молочного скота. Регулярный мониторинг и совершенствование методов оценки племенной ценности являются необходимым условием для повышения эффективности молочного животноводства и обеспечения продовольственной безопасности страны.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, молочное скотоводство, бык-производитель, селекция, геномная селекция.

ASSESSMENT OF BREEDING VALUE OF BREEDING BULLS

Zubova Tatiana V., Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Professor at the Department¹

ORCID 0000-0002-8492-3130

Chalova Natalia A., Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor of the Department of Animal Science¹

ORCID 0000-0003-2682-2371

¹Kuzbass State Agrarian University, Kemerovo, Russia

Abstract. A study on the problem of assessing the breeding value of breeding bulls is presented. The purpose of the article is a comprehensive assessment of modern methods for determining the breeding value of breeding bulls to improve the efficiency of breeding work in dairy cattle breeding. As a research material, data from foreign and Russian authors on the study of breeding qualities of bulls were analyzed. In the Russian Federation, as in many other countries, the assessment of

the breeding value of breeding bulls is carried out using a combination of approaches adapted to local conditions and peculiarities of agriculture. Special attention is paid to analyzing the productivity of daughters in different regions of the country, which allows us to take into account the influence of climatic and nutritional factors on their productive qualities. Modern methods of assessing the breeding value of breeding bulls have undergone significant changes due to the introduction of genomic technologies. Traditional approaches based on pedigree analysis and offspring quality assessment are complemented by modern methods of genomic breeding, which significantly increases the accuracy of predicting the breeding potential of animals. A key achievement of modern breeding has been the introduction of genomic evaluation, which makes it possible to determine the breeding value of animals at the early stages of their development. The accuracy of such forecasting reaches 70-90% according to various criteria, which significantly exceeds the capabilities of classical assessment methods. The prospects for the development of livestock breeding are related to the further improvement of genomic assessment methods and the creation of a unified breeding accounting system. This will maximize the use of the genetic potential of breeding animals and ensure the sustainable development of dairy farming. A comprehensive assessment makes it possible to more accurately determine the value of a producer for a particular herd and breeding purposes. The results of the assessment of the breeding value of breeding bulls are used to plan breeding work, form parent pairs and increase the genetic potential of dairy cattle. Regular monitoring and improvement of breeding value assessment methods are a prerequisite for improving the efficiency of dairy farming and ensuring the country's food security.

Keywords: cattle, dairy cattle breeding, breeding bull, breeding, genomic breeding.

Введение

В современном мире и с учетом уровня развития сельского хозяйства перед отечественными производителями стоят масштабные задачи по наращиванию объемов производства сельскохозяйственной продукции. Молочное скотоводство является одной из ключевых подотраслей агропромышленного комплекса России, от успешного развития которой зависит обеспечение населения качественными молочными продуктами.

Генетическое улучшение стада крупного рогатого скота представляет собой фундаментальную задачу племенных предприятий. От эффективности

селекционно-племенной работы напрямую зависит продуктивность молочного скота и конкурентоспособность отрасли в целом.

В условиях широкого применения искусственного осеменения в молочном животноводстве определение ценности быков-производителей на основе характеристик их потомства приобретает первостепенное значение. Для продолжительного хранения семени быков применяют криоконсервацию – замораживание в жидком азоте при сверхнизкой температуре 196 °С. Эта технология предоставляет возможность использовать генетический материал лучших производителей вне зависимости от их текущего местонахождения или даже после их смерти. Поэтому особое значение приобретает своевременное выявление и рациональное использование животных с высоким генетическим потенциалом.

Традиционные методы оценки племенной ценности животных характеризуются значительными временными затратами и относительно низкой точностью. В связи с этим возникает объективная необходимость внедрения современных селекционных методик, позволяющих более эффективно проводить оценку племенной ценности быков-производителей.

Вклад производителей в повышение продуктивности и улучшение генетических характеристик скота, а также важность оценки племенной ценности по потомству чрезвычайно велики, так как оценка потомства позволяет выделить наиболее ценных племенных быков. Актуальность исследования обусловлена потребностью в совершенствовании, разработке и внедрении современных объективных методов оценки племенной ценности быков-производителей, что позволит повысить эффективность селекционной работы и ускорить темпы генетического улучшения молочного скота.

Цель данной работы заключается в комплексной оценке современных методов определения племенной ценности быков-производителей для повышения эффективности селекционной работы в молочном скотоводстве.

Задачи исследования:

- проанализировать существующие традиционные подходы к оценке племенной ценности быков-производителей;
- исследовать современные технологии геномной селекции и их применение в оценке племенных качеств быков, включая анализ ДНК-маркеров и прогнозирование племенной ценности;
- провести сравнительный анализ эффективности традиционных и современных методов оценки племенной ценности быков-производителей.

Материалы и методы

При написании обзорной статьи анализировались материалы зарубежных и российских ученых в области исследований племенных качеств быков.

Результаты

Для объективной оценки наследственного потенциала племенных животных критически важен анализ качеств, передаваемых потомству. В практике животноводства для оценки генетического потенциала производителей используется ряд методик, как классических (оценка по происхождению – на основании анализа педигри; оценка по фенотипу – используются данные собственной продуктивности животного за весь период его онтогенеза; оценка по продуктивности боковых родственников – на основании уровня продуктивности сибсов и полусибсов пробанда; оценка по генотипу – основана на анализе продуктивных качеств потомства пробанда), так и основанных на современных достижениях генетики. Каждый из способов имеет определенные недостатки и преимущества. Прогноз уровня племенной ценности животного делается на основании комплексного подхода, при котором последовательно применяются разные способы оценки на определенных стадиях жизни производителя.

Начальным этапом селекционного отбора является оценка по родословным. Несмотря на достаточно низкую степень достоверности, отбор по происхождению является одним из ключевых пунктов работы селекционеров, так как он позволяет получить предварительный прогноз ценности животного и поддерживать внутривидовое разнообразие линейной структуры популяции. К сожалению, часто на животноводческих предприятиях отбор по происхождению является практически единственным критерием для выбора производителя. При этом, несмотря на стремление племенных предприятий и селекционеров к выбору лучших быков по родословной, дефицита выдающихся производителей, способных существенно улучшить показатели молочного скотоводства, не наблюдается.

Во всех подотраслях животноводства, в том числе и в молочном скотоводстве, массовым является отбор по фенотипу. Благодаря тому, что через данную ступень оценки проходит практически 100 % поголовья скота, эффективность этого метода достаточно высокая.

Окончательной и наиболее объективной оценкой племенной ценности быка-производителя является оценка по качеству потомства. В настоящее время основным нормативным актом, регулирующим процесс отбора быков для племенной работы, является Федеральный закон «О племенном животноводстве» (от 3.08.1995 № 123-ФЗ с изм.) [1]. Согласно статье 26 этого закона, племенные производители подлежат обязательной проверке и оценке по качеству потомства. Оценка быков осуществляется по утвержденной методике специалистами государственной племенной службы. В соответствии с указанием Департамента животноводства Минсельхоза РФ (от 3.02.1997 № 18-07/37) действующим стандартом при аттестации быков признан документ «Инструкция по проверке и оценке быков молочных и молочно-мясных пород по качеству потомства» (Минсельхоз СССР, 1979 г.). На основании этого документа племенная ценность быков (пункт 4.3) определяется путем сравнения продуктивности их дочерей с продуктивностью дочерей других производителей (сверстниц). С 1 марта 2026 года на территории России в силу вступит приказ Министерства сельского хозяйства РФ от 10.04.2025 № 235 «Об утверждении методики проверки и оценки племенных быков-производителей» [2], на основании которого оценка племенной ценности быков-производителей будет осуществляться в соответствии с требованиями Решения Коллегии Евразийской экономической комиссии от 24.11.2020 № 149 «Об утверждении методик оценки племенной ценности сельскохозяйственных животных в государствах – членах Евразийского экономического союза». Согласно данному документу, племенная ценность производителей (EBV – Estimated Breeding Value) должна проводиться расчетным путем с использованием метода BLAP AM (*Best Linear Unbiased Prediction Animal Model**) [3].

В селекционной практике для определения племенной ценности быков-производителей с учетом характеристик их потомства применяются два основных подхода.

* *Best Linear Unbiased Prediction Animal Model* – современный статистический метод оценки племенной ценности животных, который позволяет учитывать генетические различия между животными разных лет рождения и различного происхождения, оценивать все факторы одновременно, что помогает точнее исключать влияние среды, использовать данные о родителях, братьях, сестрах и других родственниках для повышения точности прогноза, сравнивать оценки животных разных поколений даже при наличии генетического тренда), и в индексе племенной ценности учитывать основные показатели молочной продуктивности – удой, концентрацию жира и белка в молоке (весовые коэффициенты).

Первый – это анализ, основанный на данных зоотехнического учета, где ключевым показателем является продуктивность дочерей по отношению к их сверстницам. Данный метод актуален для быков, уже длительно использующихся в различных хозяйствах, либо уже не участвующих в воспроизводстве, но оставивших после себя потомство. Это дает возможность более целесообразно использовать как дочерей, так и сыновей быка, а также учитывать данные о его ближайших родственниках.

Вторым подходом является предварительная оценка племенных качеств быков-производителей по потомству, которую проводят до начала их активного использования в хозяйстве. При оценке, как правило, устанавливают за стандартный лактационный период средние показатели удоя дочерей, а также содержание жира и белка в молоке, живую массу, экстерьер и особенности процесса доения.

Важным этапом является выбор оптимальной методики и группы животных для сравнения, что необходимо для получения максимально объективной оценки племенных качеств быка [4]. В качестве базы для сравнения продуктивности дочерей быка используются несколько вариантов – база данных матерей дочерей быка, средние данные по стаду, стандарт породы. Но наиболее объективным является вариант сравнения продуктивности потомства пробанда с продуктивностью сверстниц.

В нашей стране сверстницами считаются дочери других быков одного стада примерно одинаковых сроков рождения (± 3 мес.), на западе (США, Германия и др.) сверстницами считаются все подконтрольные первотелки страны с поправками на стадо, год и сезон рождения. Выбор метода сравнительной оценки потомства может варьироваться в зависимости от условий содержания дочерей и конкретных условий хозяйства.

Общепризнано, что количество потомков, на основании которых происходит оценка, пропорционально влияет на точность определения генетических характеристик оцениваемого производителя. В молочном животноводстве для получения достаточно надежной оценки племенной ценности необходимо анализировать данные о 30–40 дочерях. Однако в случае с быками-производителями допускается оценивание и на основе меньшего числа дочерей. Кроме того, эффективность быков-производителей может варьироваться в зависимости от условий содержания и кормления в различных хозяйствах. В связи с этим рекомендуется проводить периодическую переоценку быков-производителей, содержащихся на

фермах, с учетом специфики конкретных условий содержания и генетической структуры маточного поголовья.

В последние годы отрасль молочного животноводства переживает значительные изменения, охватывающие как внедрение цифровых технологий в процесс производства молока, так и усовершенствование племенной работы с молочным крупным рогатым скотом. В настоящее время перед учеными стоит важная задача – создать действенный метод, способный предсказывать продуктивность молочного поголовья [5–8].

Для изучения генетического разнообразия внутри и между породами скота исследователи создали передовые методики геномного сканирования, позволяющие получить детальные карты генетической связи. Это исследование существенно продвинуло селекцию крупного рогатого скота, особенно в плане управления фенотипическими характеристиками [9].

Традиционные методы селекции основываются на фенотипических признаках – внешнем виде, продуктивности и других наблюдаемых характеристиках. Селекционеры анализируют данные о продуктивности родителей и предков, чтобы выявить наиболее ценные линии и отбраковать те, которые демонстрировали нежелательные черты. Однако этот подход имеет свои ограничения: он трудоемкий, результаты оценки зависят от внешних факторов, таких как условия содержания и кормления, и не всегда позволяют точно предсказать качество будущего потомства.

За последнее десятилетие, благодаря стремительному развитию молекулярной генетики и появлению принципиально новых подходов, ситуация кардинально изменилась. Речь идет о внедрении технологий, основанных на анализе ДНК-маркеров, которые позволили существенно повысить точность и эффективность оценки племенной ценности крупного рогатого скота. Вместо того, чтобы полагаться только на результаты предыдущих поколений, селекционеры теперь могут анализировать генетический код животного, чтобы выявить наличие определенных генов (генетических маркеров), которые связаны с желаемыми признаками. Сейчас глобальная задача отрасли племенного животноводства – это не просто осознание необходимости, а разработка, апробация и эффективное внедрение технологий маркер-ассоциированной (MAS – Marker Assisted Selection) и геномной (GS – Genomic selection) селекции. Маркер-ассоциированная селекция предполагает выявление конкретных ДНК-маркеров, которые тесно связаны с определенными признаками, например с

содержанием жира в молоке или с устойчивостью к определенным заболеваниям. Геномная селекция идет дальше, используя информацию о всей геномной ДНК животного для прогнозирования его племенной ценности. В случае с фертильностью выявляются маркеры, связанные с улучшением оплодотворяемости коров и повышением выживаемости плода [10–12].

Внедрение таких технологий открывает новые возможности для ускорения генетического прогресса в животноводстве, повышения продуктивности и эффективности производства, а также улучшения здоровья и благополучия животных [13; 14].

После расшифровки генома крупного рогатого скота в 2004 г., геномная оценка стала широко применяться. Анализ ДНК позволяет определить специфические генетические участки, передаваемые от родителей к потомству, что повышает точность прогнозирования племенной продуктивности. Несмотря на высокую степень сходства нуклеотидных последовательностей у разных особей, существуют незначительные различия, известные как снипы – SNP (Single Nucleotide Polymorphism – однонуклеотидные полиморфизмы). Для того, чтобы идентифицировать SNP, ДНК выделяется из образцов спермы, крови или волосяных фолликулов, затем подвергается анализу с применением высокоплотных чипов [15; 16].

Для того чтобы провести генетический анализ, у каждого животного анализируют около 40 000 генетических маркеров (снипы). Данные снипы локализованы во всех хромосомах, что дает возможность отслеживать передачу признаков потомству на уровне всего генома. Методы селекции в современных исследованиях базируются на геномной оценке и принимают во внимание воздействие всего генома, а не только отдельных генов.

Включение геномной информации в классическую систему оценки племенных быков сопряжено с повышением надежности определения их характеристик по различным показателям, а расширение объема данных приводит к более качественному прогнозированию племенной ценности производителей [17–19]. Геномная прогнозируемая племенная ценность (GEBV) – это оценка потенциальных качеств животного (например, надоев, здоровья, продолжительности жизни, репродуктивной функции и телосложения), основанное на анализе геномной информации.

Внедрение ранней оценки быков и ускоренное их использование значительно ускоряют генетический прогресс в молочном животноводстве,

при этом точность прогнозирования племенной ценности увеличивается в среднем на 15–20% [20; 21].

Современный этап селекции основан на изучении вариаций в нуклеотидных последовательностях, при этом количество генетических маркеров практически не ограничено. Однако научные исследования показывают, что дальнейшее увеличение их числа приносит меньше пользы, чем увеличение числа оцененных животных [22].

Генетические данные активно используются в официальных критериях селекции, позволяя животноводам повышать экономическую эффективность разведения. Широко используется автоматизированное оборудование для маркировки животных (чипы, геномные анализаторы, специализированные программы). Компьютерные программы позволяют оценить генетическую ценность животного по важным признакам, включая внешний вид, репродуктивную способность и состояние здоровья [23].

Геномная селекция, как подчеркивают М. И. Селионова и А. М. М. Айбазов [24], выделяется тем, что позволяет идентифицировать наследование полезных аллелей на генетическом уровне практически сразу после рождения. Это дает возможность напрямую оценивать потенциал животного для селекции, не дожидаясь начала его продуктивной фазы. Таким образом, прогнозирование племенной ценности становится реальностью на ранних этапах развития, что значительно повышает эффективность селекционного процесса.

По оценкам европейских экспертов, внедрение геномной селекции позволяет сэкономить около 20 тысяч евро на каждого быка-производителя. Эта экономия достигается за счет уменьшения затрат на традиционную оценку по продуктивности потомства, которая в молочном животноводстве длится 4–5 лет, при этом не все животные оказываются улучшателями. Из 500 бычков, подвергаемых оценке по потомству, только около 10 % продолжают использоваться в племенном разведении [22]. Несмотря на то, что геномная оценка сегодня стоит около 250 евро, есть опасения, что развитие ДНК-технологий не приведет к удешевлению геномного сканирования.

Широкое распространение геномной оценки связано и с возможностью генетического анализа коров – матерей будущих быков-производителей. Геномная селекция становится значительно эффективнее при использовании метода трансплантации эмбрионов, успех которой напрямую зависит от грамотного выбора коров-доноров.

В настоящее время свыше 25 государств активно инвестируют в геномные исследования в области сельского хозяйства. Например, в Соединенных Штатах реализуется около десятка проектов, охватывающих как теоретические, так и практические аспекты геномной селекции в животноводстве, с общим финансированием, достигающим сотен миллионов долларов. Для расширения базы данных SNP-маркеров международные генетические лаборатории объединяют усилия, формируя общую базу, позволяющую сопоставлять генотипы большого количества продуктивных животных и выявлять взаимосвязь между генетическими вариантами (SNP) и признаками племенной ценности [25].

В настоящее время сформирован консорциум "Euro Genomics", в который входят некоторые европейские страны, такие как Нидерланды, Бельгия, Испания, Франция, Германия, Финляндия, Швеция, Дания, Польша. Цель его создания – увеличение популяции голштинской породы, используемой в качестве эталонной. Именно благодаря созданию значительного совместного ресурса данных для оценки племенных качеств молочного скота разных стран, был разработан математический анализ «Genome Multi Trait Across Country Evaluation» (GMTACE), который предназначен для унификации результатов. Наиболее заметные достижения в практическом применении геномной селекции наблюдаются у животных голштинской породы. Это обусловлено тем, что американские ученые при разработке ДНК-чипа провели анализ геномов почти всех быков-производителей, которые используются в североамериканских центрах искусственного осеменения, а качество их потомства оценивалось на протяжении более чем 15 лет [26].

Анализ ДНК быков с использованием SNP-маркеров в совокупности с усредненными данными о племенной ценности их родителей позволяет, по данным исследователей, с вероятностью 60–70 % прогнозировать успешность передачи желаемых признаков потомству. Этот показатель значительно выше, чем при использовании традиционных методов оценки, чья точность колеблется в пределах 25–40 %. Многочисленные международные исследования подтверждают, что комбинация генетико-статистических подходов, основанных на происхождении и качестве потомства, с геномным анализом повышает достоверность прогнозирования племенной ценности до 70 %, а в отдельных случаях, например при оценке молочной продуктивности, даже до 90 %. По мнению экспертов *Viking Genetics*, применение геномной

селекции может на 50 % ускорить прогресс в улучшении молочного скота на генетическом уровне. Российский опыт ОАО «Уралплемцентр», включавший геномную оценку быков отечественной селекции, и ее сопоставление с французской голштинской популяцией, показал улучшение рейтинга у 40 % животных и подтверждение у 15 %. Полученные результаты наглядно демонстрируют не только возможность разведения высокопродуктивных племенных животных в России, но и необходимость официального признания и активного внедрения геномной оценки в систему управления племенным животноводством [9; 10; 27; 28].

В России исследования в области генетического тестирования племенных животных все еще не являются рутинными. Разработка отечественной системы геномной оценки племенной ценности отечественного поголовья крупного рогатого скота молочного направления продуктивности в настоящее время находится только на этапе становления. При этом каждая компания или группа исследователей создают свои референсные базы и конструируют собственные уравнения оценки племенной ценности коров той или иной породы. На территории нашей страны можно выделить несколько предприятий-лидеров на рынке услуг генотипирования и оценки племенной ценности крупного рогатого скота. Центрами изучения данной тематики являются Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. Л. К. Эрнста, Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, компания «Мой ген» (Научный парк МГУ, г. Москва), лаборатория генетики агрохолдинга «Мираторг» (Московская область, г. Домодедово), «Агроплем» (Москва, ИЦ «Сколково») и другие. Эти организации ведут работу по созданию референтных популяций и оказывают услуги по геномной оценке племенной ценности скота сторонним компаниям.

Геномная селекция становится ключевым инструментом развития отечественного животноводства. Программа геномных исследований сельскохозяйственных животных — часть федерального проекта «Создание условий для развития научных разработок в селекции и генетике» национального проекта «Технологическое обеспечение продовольственной безопасности». К 2030 г. в рамках внедрения инструментов геномной селекции планируется разработка национального индекса племенной ценности, а создание единой системы оценки животных позволит осуществлять геномный прогноз проводимых селекционных мероприятий. В

частности, ожидается, что средняя молочная продуктивность коровы составит 11 500 кг (сегодня 9500 кг), концентрация жира и белка увеличится на 0,2 %. В ближайшей перспективе – создание единой базы данных ФГИАС ПР (Федеральная государственная информационно-аналитическая система племенных ресурсов), Всероссийского реестра быков-производителей, изменение нормативной базы и мер государственной поддержки племенного животноводства. В общей сложности в ближайшие три года на генетическую селекцию в стране будет потрачено свыше 2 млрд рублей.

Заключение

Современные методы оценки племенной ценности быков-производителей претерпели значительные изменения благодаря внедрению геномных технологий. Традиционные подходы, основанные на анализе родословных и оценке по качеству потомства, дополняются современными методами геномной селекции, что существенно повышает точность прогнозирования племенного потенциала животных. Ключевым достижением современной селекции стало внедрение геномной оценки, позволяющей определять племенную ценность животных на ранних этапах их развития. Точность такого прогнозирования достигает 70–90 % по различным признакам, что значительно превосходит возможности классических методов оценки.

Перспективы развития племенного животноводства связаны с дальнейшим совершенствованием методов геномной оценки и созданием единой системы племенного учета. Это позволит максимально эффективно использовать генетический потенциал племенных животных и обеспечить устойчивое развитие молочного скотоводства.

Список источников

1. О племенном животноводстве : фед. закон от 3.08.1995 № 123-ФЗ (с изм.).
2. Об утверждении методики проверки и оценки племенных быков-производителей : Приказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации от 10.04.2025 № 235 (зарег. 16.05.2025 № 82213).
3. Об утверждении методик оценки племенной ценности сельскохозяйственных животных в государствах – членах Евразийского экономического союза : Решение Коллегии ЕЭК от 24.11.2020 № 149

(Подписан 24.11.2020. Опубликован в Интернете 30.11.2020. Дата вступления в силу 06.05.2021).

4. Рогозинникова, Ю.В., Фатеева, А.А. Оценка быков-производителей в России и в мире // АПК: инновационные технологии. 2023. № 4(63). С. 68–77. DOI 10.35524/2687-0436_2023_04_68. EDN: SXNNQP
5. Body type of cows as a factor of their productive longevity / I. M. Donnik [et al.] // E3S Web of Conferences, Yekaterinburg, 15–16 октября 2020 года. Yekaterinburg, 2020. P. 02059. DOI 10.1051/e3sconf/202022202059. EDN FFZXVJ.
6. The effect of SNP polymorphisms in growth hormone gene on weight and linear growth in crossbred Red Angus × Kalmyk heifers / F. G. Kayumov [et al.] // Digital agriculture – development strategy : Proceedings of the International Scientific and Practical Conference (ISPC 2019), Екатеринбург, 21–22 марта 2019 года. Екатеринбург: Atlantis Press, 2019. P. 325–328. DOI 10.2991/ispc-19.2019.73. EDN FEHUP.
7. Effect of genetic and paratypical factors on milk production in cattle / O.E. Lihodeevskaya [et al.] // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, Krasnoyarsk, 18–20 ноября 2020 года / Krasnoyarsk Science and Technology City Hall. Vol. 677. Krasnoyarsk, Russian Federation: IOP Publishing Ltd, 2021. P. 042039. DOI 10.1088/1755-1315/677/4/042039. EDN YOXOGN.
8. Ражина, Е.В., Лоретц, О.Г. Методы ДНК-тестирования в селекции крупного рогатого скота // Вестник биотехнологии. 2018. № 2 (16). С. 11.
9. Яковлев, А.Ф. Вклад гаплотипов в формирование племенных и воспроизводительных качеств животных (обзор) // Проблемы биологии продуктивных животных. 2019. № 2. С. 5–18. DOI 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2019.2.5-18.
10. Минакова, Н. Геномные технологии для животноводства // Наука и инновации. 2021. № 8 (222). С. 4–8.
11. Глазко, В.И. Генные и геномные подписи доместикизации Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53, № 4. С. 659–672. DOI 10.15389/agrobiology.2018.4.659rus. EDN UZBLNT.
12. Генотипирование как основа ускорения селекционного процесса в молочном скотоводстве / Н.Ю. Лукинов [и др.] // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. 2024. № 3(78). С. 74–78.
13. Thakur, J., Packiaraj, J., Henikoff, S. Sequence, chromatin and evolution of satellite DNA // International Journal of Molecular Sciences (IJMS). 2021. № 22. P. 4309. DOI 10.3390/ijms22094309.

14. Quantitative trait locus for calving traits on Bos taurus autosome 18 in Holstein cattle is embedded in a complex genomic region / N. Dachs [et al.] // Journal of Dairy Science. 2023. Vol. 106, Iss. 3. P. 1925–1941. DOI 10.3168/jds.2021-21625.
15. Zattera, M.L., Bruschi, D.P. Transposable elements as a source of novel repetitive DNA in the eukaryote genome // Cells. 2022. Vol. 11, Iss. 21. P. 3373. DOI 10.3390/cells11213373.
16. Wang, X., Budowle, B., Ge, J. USAT: a bioinformatic toolkit to facilitate interpretation and comparative visualization of tandem repeat sequences // BMC Bioinformatics. 2022. Vol. 23, Iss. 1. P. 497. DOI 10.1186/s12859-022-05021-1.
17. Comparison of the microsatellite distribution patterns in the genomes of Euarchontoglires at the taxonomic level / X. Song [et al.] // Front. Genet. 2021. Vol. 12. P. 622–724. DOI 10.3389/fgene.2021.622724.
18. The length of uninterrupted CAG repeats in stem regions of repeat disease associated hairpins determines the amount of short CAG oligonucleotides that are toxic to cells through RNA interference / A.E. Murmann [et al.] // Cell Death & Disease. 2022. Vol. 13, Iss. 12. P. 1078. DOI 10.1038/s41419-022-05494-1.
19. Использование результатов геномной оценки в селекции крупного рогатого скота / Е.М. Кислякова [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2023. № 5. С. 35–39. DOI 10.33943/MMS.2023.45.81.007.
20. Сравнительное исследование информативности STR- и SNP-маркеров для внутривидовой и межвидовой дифференциации рода Ovis / Т.Е. Денисова [и др.] // Генетика. 2016. № 52 (1). С. 90–96. DOI 10.7868/S0016675816010021.
21. Племяшов, К. Геномная селекция – будущее животноводства // Животноводство России. 2014. № 5. С. 2–4.
22. Смагдов, М.Г. Геномная селекция молочного скота в мире. Пять лет практического использования // Генетика. 2013. Т. 49, № 11. С. 1251–1260.
23. Variation in G-quadruplex sequence and topology differentially impacts human DNA polymerase fidelity / M. Stein [et al.] // DNA Repair (Amst). 2022. № 119. P. 103402. DOI 10.1016/j.dnarep.2022.103402.
24. Селионова, М.И., Айбазов, А. М. М. Геномные технологии в селекции сельскохозяйственных животных // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. 2014. Т. 1, № 7. С. 140–145.

25. De Zio, D., Maiani, E., Cecconi, F. Apaf1 in embryonic development – shaping life by death, and more // *Journal of Developmental Biology*. 2015. Vol. 59. P. 33–39. DOI 10.1387/ijdb.150047dd.
26. Fine mapping for Weaver syndrome in Brown Swiss cattle and the identification of 41 concordant mutations across NRCAM, PNPLA8 and CTTNBP2 / M., McClure [et al.] // *Public Library of Science one*. 2013. Vol. 8, Iss. 3. P. e59251. DOI 10.1371/journal.pone.0059251.
27. Влияние геномных данных на надежность оценок племенной ценности быков-производителей молочного направления продуктивности / Р. В. Березовик [и др.] // *Животноводство и ветеринарная медицина*. 2023. № 1(48). С. 7–13.
28. Гырнец, Е.А. Взаимосвязь результатов геномной оценки с фактическими показателями продуктивности популяции черно-пестрой голштинизированной породы крупного рогатого скота // *Труды Кубанского государственного аграрного университета*. 2023. № 108. С. 148–155. DOI 10.21515/1999-1703-108-148-155.