

Показатели воспроизводительной способности крупного рогатого скота в зависимости от генотипа

О. А. Быкова¹✉, О. В. Костюнина¹, А. А. Зырянова^{1,2}, О. А. Шевкунов¹, А. А. Ярышкин^{1,2}

¹ Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия

² Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия

✉ E-mail: olbyk75@mail.ru

Аннотация. В настоящее время одной из значимых проблем в животноводстве Российской Федерации являются низкие воспроизводительные качества крупного рогатого скота молочного направления продуктивности. Решение ее требует поиска генетических изменений, являющихся причинами снижения репродуктивных способностей крупного рогатого скота, и имеет фундаментальное значение для эффективного развития животноводства. Полногеномное сканирование с помощью чипов позволяет идентифицировать геномные регионы, мутации в которых приводят к возникновению экономически значимых проблем, таких как эмбриональная смертность, нарушения развития, что характеризуется научной и практической значимостью. **Научная новизна** заключается в изучении молекулярно-генетических механизмов контроля репродуктивной способности крупного рогатого скота молочного направления продуктивности в Свердловской области. **Цель работы** – выявление аллельных вариантов SNP, ассоциированных с высокими репродуктивными качествами крупного рогатого скота. **Методы.** Исследования проведены на коровах голштинской породы. Выделение ДНК и последующее генотипирование выполняли в центре геномной селекции компании ООО «Мираторг-Генетика». Полногеномное генотипирование проводили с использованием чипов GGP Bovine 50K. Для проведения GWAS-исследований использовали пакет Gpat v.3. Проводили анализ воспроизводительных качеств коров с различными аллельными вариантами полиморфизмов, показавших наибольшую значимость при GWAS-исследовании. **Результаты.** Установлено, что продолжительность сервис-периода 93 и 94 дня ассоциирована с наличием в генотипе UA-IFASA-9208TT и BTA-115852-no-rsAG, самым продолжительным он оказался для ARS-BFGL-NGS-71623GG (163 дня), ARS-BFGL-NGS-71148GG (158 дней). Самым коротким периодом плодородия оказался для UA-IFASA-9208AA (261 день), сухостойный период – для Нармар41431-BTA-111895AA (54 дня), ARS-BFGL-NGS-85003CC, ARS-BFGL-NGS-71623AA и гетерозиготного генотипа Нармар41431-BTA-111895AG (55 дней), межотельный период – для BTA-115852-no-rsAG (363 дня), самым продолжительным периодом плодородия был для ARS-BFGL-NGS-71623GG (302 дня), сухостойный период – для ARS-BFGL-NGS-4585 AG и UA-IFASA-9208AT (62 дня). Коэффициент воспроизводительной способности соответствовал оптимальному значению (1,00) для трех SNP: ARS-BFGL-NGS-4585AA, BTA-115852-no-rs AG, UA-IFASA-9208AA и UA-IFASA-9208TT.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, гены, SNP, воспроизводство

Благодарности. Исследования выполнены при поддержке Российского научного фонда, проект № 22-76-10021.

Для цитирования: Быкова О. А., Костюнина О. В., Зырянова А. А., Шевкунов О. А., Ярышкин А. А. Показатели воспроизводительной способности крупного рогатого скота в зависимости от генотипа // Аграрный вестник Урала. 2025. Т. 25, № 02. С. 206–216. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-02-206-216>.

Дата поступления статьи: 17.12.2024, **дата рецензирования:** 24.12.2024, **дата принятия:** 09.01.2025.

Reproductive capacity indicators of cattle depending on genotype

O. A. Bykova¹✉, O. V. Kostyunina¹, A. A. Zyryanova^{1,2}, O. A. Shevkunov¹, A. A. Yaryshkin^{1,2}

¹ Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia

² Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre – Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia

✉ E-mail: olbyk75@mail.ru

Abstract. Currently, one of the significant problems in animal husbandry in the Russian Federation is the low reproductive qualities of dairy cattle. Its solution requires searching for genetic changes that are the causes of the decrease in the reproductive abilities of cattle, and is of fundamental importance for the effective development of animal husbandry. Whole-genome scanning using chips allows identifying genomic regions, mutations in which lead to the emergence of economically significant problems, such as embryonic mortality, developmental disorders, which is characterized by scientific and practical significance. **The scientific novelty** consists in studying the molecular genetic mechanisms of control of the reproductive capacity of dairy cattle in the Sverdlovsk region. **The purpose** of the work is to identify allelic variants of SNP associated with high reproductive qualities of cattle. **Methods.** The studies were conducted on Holstein cows. DNA extraction and subsequent genotyping were performed at the genomic selection center of Miratorg-Genetics LLC. Full-genome genotyping was performed using GGP Bovine 50K chips. Gpat v.3 package was used to conduct GWAS studies. Reproductive qualities of cows with different allelic variants of polymorphisms that showed the greatest significance in the GWAS study were analyzed. **Results.** It was found that the duration of the service period of 93 and 94 days is associated with the presence of UA-IFASA-9208TT and BTA-115852-no-rsAG in the genotype, the longest was for ARS-BFGL-NGS-71623GG (163 days), ARS-BFGL-NGS-71148GG (158 days). The shortest fruiting period was for UA-IFASA-9208AA (261 days), the dry period was for Hapmap41431-BTA-111895AA (54 days), ARS-BFGL-NGS-85003CC, ARS-BFGL-NGS-71623AA and the heterozygous genotype Hapmap41431-BTA-111895AG (55 days), the calving interval was for BTA-115852-no-rsAG (363 days), the longest fruiting period was for ARS-BFGL-NGS-71623GG (302 days), the dry period was for ARS-BFGL-NGS-4585 AG and UA-IFASA-9208AT (62 days). The reproductive efficiency coefficient corresponded to the optimal value (1.00) for three SNPs: ARS-BFGL-NGS-4585AA, BTA-115852-no-rs AG, UA-IFASA-9208AA and UA-IFASA-9208TT.

Keywords: cattle, genes, SNP, reproduction

Acknowledgements. The research was supported by Russian Science Foundation, project No. 22-76-10021.

For citation: Bykova O. A., Kostyunina O. V., Zyryanova A. A., Shevkunov O. A., Yaryshkin A. A. Reproductive capacity indicators of cattle depending on genotype. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2025; 25 (02): 206–216. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-02-206-216>. (In Russ.)

Date of paper submission: 17.12.2024, **date of review:** 24.12.2024, **date of acceptance:** 09.01.2025.

Постановка проблемы (Introduction)

Для совершенствования развития животноводства в области молочного скотоводства специалистам необходимо учитывать некоторые особенности коров, которые имеют большое значение в воспроизводстве стада. Без внимания селекционеров невозможно оставить снижение репродуктивной способности скота, в связи с чем следует уделять особое внимание изучению генетических изменений организма животных. Наряду с этим имеет большое значение освоение молекулярно-генетических механизмов контроля фертильности молочного скота и установление причин низкой воспроизводительной способности коров, внутриутробной

гибели плода на ранних сроках стельности. При использовании современных лабораторных методов исследований можно провести полногеномное сканирование животных. Таким образом, специалистам доступно распознавание геномных регионов и мутаций, ответственных за проявление признаков репродуктивного здоровья крупного рогатого скота. Определение данных особенностей организма животных способствует решению экономически значимых проблем, таких как эмбриональная смертность, генетические аномалии, нарушения развития. Все это в настоящее время актуально и имеет большое научное и практическое значение [1–3].

Одной из важнейших задач науки в области молочного скотоводства в настоящее время является поиск возможностей улучшения репродуктивных функций высокопродуктивных коров на молекулярно-генетическом уровне. Известно, что весомый рост молочной продуктивности скота отрицательно коррелирует с показателями выхода телят и продолжительностью сервис-периода. Понижение репродуктивных способностей часто возникает вследствие генных мутаций. Они обуславливают летальные проявления в фенотипе особи на разных этапах развития (от эмбриона до новорожденных телят). Определенные мутации сопровождаются удлинением сервис-периода, возникновением гинекологических заболеваний, яловости, что приводит к повышению затрат хозяйства на проведение ветеринарных мероприятий и гормональную стимуляцию коров, а в итоге к преждевременной выбраковке полновозрастных коров из стада. Следствием ухудшения репродуктивной функции коров и воспроизводства стада для предприятий-товаропроизводителей в молочном скотоводстве является значимый экономический ущерб. Очень часто данные мутации положительно коррелируют с уровнем молочной продуктивности. Для решения проблемы воспроизводительной способности высокопродуктивных коров и снижения частоты проявления мутаций в их геноме необходимо увеличивать генетический потенциал животных [4–7].

Генетические характеристики голштинского скота, разводимого на Урале, малоизучены. Поэтому исследования воспроизводительных способностей крупного рогатого скота с использованием геномных методов в данном регионе актуальны и своевременны.

Результаты более ранних исследований свидетельствуют о том, что снижение воспроизводительной функции коров связано с послеродовыми проблемами клинического характера, развитием метаболического стресса из-за лактации. В настоящее время считается, что данная проблема обусловлена генетическими факторами [8–10].

В последние несколько десятков лет ученые обнаружили ряд летальных гаплотипов, которые связаны с рецессивными расстройствами репродуктивных и продуктивных признаков. Быки-производители являются переносчиками вредных аллелей. Ученые проделали большую работу по разработке ряда методов сканирования генома, что необходимо для проведения анализа и оценки биоразнообразия внутри пород и между ними. Карты неравновесного сцепления генов с высоким разрешением внесли неоценимый вклад в понимание сложных сетей связи между генами, гаплотипами и формированием фенотипических признаков [11–13].

Также проводились исследования общегеномных ассоциаций (GWAS). Они необходимы для вы-

явления количественных локусов признаков (QTL) и генов-кандидатов, связанных с воспроизводительными качествами скота. Данные исследования обуславливают улучшение понимания генетической основы фенотипического признака фертильности и его вариационных свойств [14].

Исследователи установили в мировой популяции голштинского скота довольно высокие частоты гаплотипов фертильности. Гаплотипы имеют свойство влиять на репродуктивные особенности животных и ассоциированы с гибелью животных в эмбриональный и постэмбриональный периоды. Качество течения стельности у коров голштинской породы отчасти находится в зависимости от наличия или отсутствия в их генотипе одного или нескольких из установленных 22 гаплотипов фертильности. Для некоторых из них мутации, которые их обуславливают, еще неизвестны [15; 16].

Благодаря внедрению геномной селекции в маркировании воспроизводительных признаков животных сделан значительный шаг вперед. Тем не менее на практике в селекции до сих пор используются маркеры ограниченного числа гаплотипов. Таким образом, одним из перспективных направлений в работе с геномом голштинского скота является включение обнаруживаемых ассоциаций SNP с показателями воспроизводства в оценку генома [17–18].

В связи с актуальной тематикой нами были проведены следующие исследования: изучение генетического профиля коров голштинской породы уральского разведения; идентификация SNPs, связанных с воспроизводительными особенностями животных; установление генетических вариантов и сочетаний по ДНК-маркерам, определяющим улучшение репродуктивной способности крупного рогатого скота.

Методология и методы исследования (Methods)

Исследования проведены в АО «Каменское» (с. Позариха Каменского р-на Свердловской области) на коровах голштинской породы. От животных опытной группы осуществляли отбор крови в вакуумные пробирки, содержащие консервант КЗ ЭДТА. Выделение ДНК и последующее генотипирование выполняли в центре геномной селекции компании ООО «Мираторг-Генетика».

Полногеномное генотипирование проводили с использованием чипов GGP Bovine 50K. Для проведения GWAS-исследований использовали пакет *Garit v.3*. Проводили анализ воспроизводительных качеств коров с различными аллельными вариантами полиморфизмов, показавших наибольшую значимость при GWAS-исследовании. Использовали названия SNP, указанные в файле *manifest* для чипа, с помощью которого проводили исследования.

Частоту встречаемости генотипов анализируемых генов рассчитывали путем соотношения количества коров из числа носителей генотипа к общему числу животных в исследуемой группе.

Таблица 1

Продолжительность физиологических периодов коров в зависимости от генотипов, дней

SNP	Генотип	Сервис-период	Период плодоношения
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	100 ± 6,7	264 ± 7,5
	AG	145 ± 7,2**	271 ± 10,2
	GG	135 ± 5,4**	284 ± 8,5
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	134 ± 4,1	299 ± 10,8
	AG	142 ± 6,2	286 ± 9,6
	GG	158 ± 5,8*	289 ± 5,1
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	136 ± 4,7	284 ± 9,2
	AG	130 ± 5,2	280 ± 6,7
	GG	163 ± 8,5*	302 ± 10,9
BTA-115852-no-rs	AA	148 ± 5,3***	293 ± 9,4
	AG	94 ± 3,0	270 ± 5,7
	GG	105 ± 3,5	275 ± 8,1
Нармап41431-BTA-111895	AA	145 ± 5,1	296 ± 11,2
	AG	141 ± 6,9	288 ± 7,9
	GG	143 ± 5,5	293 ± 9,7
Нармап42329-BTA-80748	AA	137 ± 4,2	291 ± 9,5
	AG	146 ± 6,5	301 ± 7,6
	GG	138 ± 7,3	283 ± 5,3
UA-IFASA-9208	AA	103 ± 2,9	261 ± 6,2
	AT	137 ± 6,9***	278 ± 5,4
	TT	93 ± 3,1	272 ± 6,8
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	122 ± 3,4	281 ± 7,1
	AC	126 ± 2,8	287 ± 8,5
	CC	137 ± 8,7	296 ± 4,9

Примечание. Здесь и далее * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$, *** $p \leq 0,001$.

Table 1

Duration of successive periods of cows depending on genotypes, days

SNP	Genotype	Service period	Fruiting period
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	100 ± 6.7	264 ± 7.5
	AG	145 ± 7.2**	271 ± 10.2
	GG	135 ± 5.4**	284 ± 8.5
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	134 ± 4.1	299 ± 10.8
	AG	142 ± 6.2	286 ± 9.6
	GG	158 ± 5.8*	289 ± 5.1
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	136 ± 4.7	284 ± 9.2
	AG	130 ± 5.2	280 ± 6.7
	GG	163 ± 8.5*	302 ± 10.9
BTA-115852-no-rs	AA	148 ± 5.3***	293 ± 9.4
	AG	94 ± 3.0	270 ± 5.7
	GG	105 ± 3.5	275 ± 8.1
Нармап41431-BTA-111895	AA	145 ± 5.1	296 ± 11.2
	AG	141 ± 6.9	288 ± 7.9
	GG	143 ± 5.5	293 ± 9.7
Нармап42329-BTA-80748	AA	137 ± 4.2	291 ± 9.5
	AG	146 ± 6.5	301 ± 7.6
	GG	138 ± 7.3	283 ± 5.3
UA-IFASA-9208	AA	103 ± 2.9	261 ± 6.2
	AT	137 ± 6.9***	278 ± 5.4
	TT	93 ± 3.1	272 ± 6.8
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	122 ± 3.4	281 ± 7.1
	AC	126 ± 2.8	287 ± 8.5
	CC	137 ± 8.7	296 ± 4.9

Note. Here and further * $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; *** $p \leq 0.001$.

Обработку полученных в эксперименте данных проводили в программах Microsoft Excel, Biostatistics при расчете основных статистических и биометрических показателей.

Результаты (Results)

Успешная селекционно-племенная работа возможна с учетом частоты встречаемости генотипов по SNP, ассоциированным с желательными репродуктивными качествами крупного рогатого скота. Гомо- или гетерозиготность генотипа в значительной степени оказывает влияние на наследование хозяйственно полезных признаков продуктивных животных.

В результате анализа частот аллелей и генотипов по SNP, достоверно связанным с показателями воспроизводительной способности коров, установлено, что у всех SNP присутствуют три генотипа. Гомозиготный генотип AA преобладает у ARS-BFGL-NGS-71148, ARS-BFGL-NGS-71623, BTA-115852-no-rs, гетерозиготный – у ARS-BFGL-NGS-458, ARS-BFGL-NGS-85003, Нармар41431-BTA-111895, Нармар42329-BTA-80748, UA-IFASA-9208. Наименьшая частота встречаемости установлена для гомозиготных генотипов ARS-BFGL-NGS-458^{AA}, BFGL-NGS-71148^{GG}, ARS-BFGL-NGS-71623^{GG}, ARS-BFGL-NGS-85003^{AA}, Нармар41431-BTA-111895^{AA}, UA-IFASA-9208^{AA}, Нармар42329-BTA-80748^{AA}, гетерозиготных – BTA-115852-no-rs.

В таблице 1 представлены результаты анализа продолжительности физиологических периодов коров в зависимости от генотипов по исследуемым полиморфизмам.

Исследование продолжительности сервис-периода и периода плодonoшения коров в хозяйстве выявило существенную разницу между значениями данных показателей для различных SNP. При этом достоверные данные получены только в нескольких случаях. У животных исследуемого хозяйства сервис-период имел продолжительность от 93 до 163 дней. Увеличение его продолжительности (более 100 дней) способствовало увеличению длительности межотельного периода, что привело к снижению коэффициента воспроизводительной способности и не позволило получить 1 теленка за календарный год. Сервис-период для различных генотипов исследуемых SNP отличался по своей длительности. Наименее продолжительным он оказался для UA-IFASA-9208 и BTA-115852-no-rs. Причем желательные значения установлены как в гомозиготном, так и в гетерозиготном генотипе указанных SNP. Продолжительность сервис-периода 93 и 94 дня, ассоциированная с наличием в генотипе UA-IFASA-9208^{TT} и BTA-115852-no-rs^{AG} соответственно, позволила достигнуть коэффициента воспроизводительной способности, равного 1, что говорит о высокой эффективности воспроизводства по стаду для животных-носителей данных геноти-

пов. Несколько выше значение данного показателя было для UA-IFASA-9208^{AA} (103 дня) и ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} (100 дней). Самым продолжительным сервис-период оказался для животных с ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (163 дня), ARS-BFGL-NGS-71148^{GG} (158 дней), что значительно увеличивает продолжительность межотельного периода и приносит хозяйству экономический ущерб от недополучения приплода.

Продолжительность периода плодonoшения для исследованных животных в хозяйстве варьировала в диапазоне от 261 до 302 дней. При этом минимальные и максимальные значения этого периода установлены для тех же генотипов по SNP, что и такие значения сервис-периода. Так, самым коротким период плодonoшения оказался у животных с UA-IFASA-9208^{AA} (261 день), ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} (264 дня), BTA-115852-no-rs^{AG} (270 дней), UA-IFASA-9208^{GG} (272 дня), самым продолжительным – с ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (302 дня), Нармар42329-BTA-80748AG (301 день), для всех генотипов остальных SNP длительность периода стельности имела промежуточное значение.

В таблице 2 представлены результаты исследований продолжительности сухостойного и межотельного периодов у коров в зависимости от генотипа.

Сухостойный период играет важную роль в подготовке коровы к отелу, восстановлению репродуктивной системы во время сервис-периода, своевременном наступлении охоты после отела и благополучном оплодотворении яйцеклетки при осеменении. Для изучаемого поголовья продолжительность сухостойного периода варьировала в диапазоне от 55 до 62 дней и находилась в пределах нормативных значений. Самым коротким этот период установлен для гомозиготных генотипов Нармар41431-BTA-111895^{AA} (54 дня), ARS-BFGL-NGS-85003^{CC}, ARS-BFGL-NGS-71623^{AA}, ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (55 дней) и гетерозиготного генотипа Нармар41431-BTA-111895^{AG} (55 дней). Наиболее продолжительным он был для гетерозиготных генотипов ARS-BFGL-NGS-4585 AG и UA-IFASA-9208AT и составил 62 дня. Разница по величине данного показателя для различных генотипов изученных SNP была не достоверна.

Межотельный период является важным показателем воспроизводства стада и определяет его эффективность, так как наиболее желательным с экономической точки зрения является получение одного теленка в календарный год, что определяет необходимость приближения его продолжительности к величине календарного года, или 365 дням. В последнее время в большинстве хозяйств он значительно длиннее за счет ухудшения репродуктивной способности коров, увеличения количества осеменений на одно плодотворное, как следствие –

увеличения продолжительности сервис-периода. В наших исследованиях продолжительность межжотельного периода составила от 363 до 465 дней. Самым коротким этот период оказался для носителей гетерозиготного генотипа BTA-115852-no-rs^{AG} и был короче календарного года на 2 дня, 364 дня он составил для гомозиготных генотипов ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} и UA-IFASA-9208^{AA}, 365 дней – для UA-IFASA-9208^{TT}. Для остальных генотипов и SNP он был выше на 40 и более дней, что является нежелательным для эффективного воспроизводства высокопродуктивного стада.

В таблице 3 представлены воспроизводительные качества коров в зависимости от генотипа.

Оценка плодовитости маточного поголовья крупного рогатого скота проводится при анализе и прогнозировании воспроизводства стада посредством соотношения продолжительности календарного года и периода между смежными отелами. Желательным представляется получить 1 теленка от каждой коровы в 365 дней и менее, что и обуславливает величину коэффициента воспроизводительной способности (КВС), равную 1 и более. В наших исследованиях КВС соответствовал оптимальному значению (1,00) только для трех SNP: ARS-BFGL-NGS-4585^{AA}, BTA-115852-no-rs^{AG}, UA-IFASA-9208^{AA} и UA-IFASA-9208^{TT}. Для остальных SNP он составил от 0,90 до 0,78, что свидетельствует о возможности получения теленка за период от 1,1 до 1,3 года.

Кратность осеменения рассчитывается для обеспечения высокой оплодотворяемости животных в оптимальное для зачатия время. Точное определение оптимального срока осеменения в период охоты позволяет достичь высокой оплодотворяемости. Кроме того, однократное осеменение в оптимальный для зачатия срок позволяет более рационально использовать время, провести осеменение большего числа животных, снизить затраты труда и расход семени, что позволяет сохранить экономические и трудовые ресурсы предприятия.

Для исследованного маточного поголовья кратность осеменения находилась в пределах от 1,12 до 1,69. Установлено, что для гомозиготных генотипов UA-IFASA-9208 она была наименьшей и составила 1,12 и 1,15. Для BTA-115852-no-rs^{AG} и ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} эти значения были несколько выше и равнялись 1,18 и 1,20. Для других исследованных SNP на одно оплодотворение приходилось от 1,25 до 1,69 осеменений.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Открытие различных вариантов генетических последовательностей с нарушением функций (LoF, Loss-of-Function) стало возможным в связи с картированием гомозиготности. Такой подход основан на

генотипировании десятков тысяч SNP. В настоящее время улучшается понимание генетической архитектуры признаков воспроизводства, что связано с проведением исследований общегеномных ассоциаций (GWAS) для определения количественных локусов (QTL) и генов-кандидатов, связанных с фертильностью.

В результате проведенных нами исследований структуры SNP, связанных с фертильностью коров, установили преобладание генотипа AA у ARS-BFGL-NGS-71148, ARS-BFGL-NGS-71623, BTA-115852-no-rs, гетерозиготный – у ARS-BFGL-NGS-458, ARS-BFGL-NGS-85003, Нармар41431-BTA-111895, Нармар42329-BTA-80748, UA-IFASA-9208. Наименьшую частоту встречаемости определили для следующих генотипов: ARS-BFGL-NGS-4585^{AA}, BFGL-NGS-71148^{GG}, ARS-BFGL-NGS-71623^{GG}, ARS-BFGL-NGS-85003^{AA}, Нармар41431-BTA-111895^{AA}, UA-IFASA-9208^{AA}, Нармар42329-BTA-80748^{AA}, гетерозиготных – BTA-115852-no-rs.

С наименее продолжительным сервис-периодом обнаружили животных – носителей генотипов UA-IFASA-9208 и BTA-115852-no-rs в гомозиготном и гетерозиготном состоянии. Продолжительность сервис-периода 93 и 94 дня ассоциирована с генотипами UA-IFASA-9208^{TT} и BTA-115852-no-rs^{AG} соответственно. 100 и 103 дня данный период продолжался у коров с генотипами ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} и UA-IFASA-9208^{AA}. Самый продолжительный сервис период оказался для животных с ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (163 дня) и ARS-BFGL-NGS-71148^{GG} (158 дней). Самый короткий период плодonoшения был у коров – носителей генотипов UA-IFASA-9208^{AA} (261 день), ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} (264 дня), BTA-115852-no-rs^{AG} (270 дней), UA-IFASA-9208^{GG} (272 дня), самым продолжительный – с ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (302 дня), Нармар42329-BTA-80748AG (301 день).

Самым коротким сухостойным периодом обладали коровы с генотипами Нармар41431-BTA-111895^{AA} (54 дня), ARS-BFGL-NGS-85003^{CC}, ARS-BFGL-NGS-71623^{AA}, ARS-BFGL-NGS-71623^{GG} (55 дней), Нармар41431-BTA-111895^{AG} (55 дней). Более продолжительный период составил 62 дня у животных с генотипами ARS-BFGL-NGS-4585 AG и UA-IFASA-9208AT. Короткий межжотельный период установили для генотипов BTA-115852-no-rs^{AG} (363 дня), ARS-BFGL-NGS-4585^{AA} (364 дня) и UA-IFASA-9208^{AA}, UA-IFASA-9208^{TT} (365 дней).

Оптимальный коэффициент воспроизводительной способности установили у животных с генотипами ARS-BFGL-NGS-4585^{AA}, BTA-115852-no-rs^{AG}, UA-IFASA-9208^{AA} и UA-IFASA-9208^{TT}. Наименьшая кратность осеменения обнаружена у коров с генотипами UA-IFASA-9208.

Таблица 2
Продолжительность сухостойного и межотельного периодов у коров в зависимости от генотипа, дней

SNP	Генотип	Сухостойный период	Межотельный период
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	60 ± 3,1	364 ± 6,9
	AG	62 ± 2,4	415 ± 8,1
	GG	58 ± 5,3	419 ± 6,8***
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	55 ± 4,7	433 ± 7,4
	AG	57 ± 6,1	428 ± 7,9
	GG	56 ± 5,0	447 ± 5,5
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	55 ± 3,8	420 ± 6,9
	AG	57 ± 4,2	410 ± 5,1
	GG	55 ± 3,9	465 ± 8,7**
BTA-115852-no-rs	AA	59 ± 3,5	441 ± 7,3***
	AG	58 ± 3,0	363 ± 4,6
	GG	60 ± 1,7	380 ± 5,8
Hapmap41431-BTA-111895	AA	54 ± 2,9	442 ± 8,2
	AG	55 ± 2,3	430 ± 7,1
	GG	60 ± 2,1	435 ± 6,7
Hapmap42329-BTA-80748	AA	59 ± 2,4	427 ± 6,9
	AG	57 ± 3,3	448 ± 7,2
	GG	58 ± 4,5	421 ± 5,3
UA-IFASA-9208	AA	60 ± 2,2	364 ± 4,5
	AT	62 ± 4,5	416 ± 5,6***
	TT	61 ± 3,1	365 ± 5,1
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	59 ± 2,9	403 ± 6,4
	AC	56 ± 3,6	415 ± 6,0
	CC	55 ± 4,2	434 ± 7,3

Table 2
Duration of dry and calving intervals in cows depending on genotype, days

SNP	Genotype	Dry period	Calving interval
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	60 ± 3.1	364 ± 6.9
	AG	62 ± 2.4	415 ± 8.1
	GG	58 ± 5.3	419 ± 6.8***
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	55 ± 4.7	433 ± 7.4
	AG	57 ± 6.1	428 ± 7.9
	GG	56 ± 5.0	447 ± 5.5
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	55 ± 3.8	420 ± 6.9
	AG	57 ± 4.2	410 ± 5.1
	GG	55 ± 3.9	465 ± 8.7**
BTA-115852-no-rs	AA	59 ± 3.5	441 ± 7.3***
	AG	58 ± 3.0	363 ± 4.6
	GG	60 ± 1.7	380 ± 5.8
Hapmap41431-BTA-111895	AA	54 ± 2.9	442 ± 8.2
	AG	55 ± 2.3	430 ± 7.1
	GG	60 ± 2.1	435 ± 6.7
Hapmap42329-BTA-80748	AA	59 ± 2.4	427 ± 6.9
	AG	57 ± 3.3	448 ± 7.2
	GG	58 ± 4.5	421 ± 5.3
UA-IFASA-9208	AA	60 ± 2.2	364 ± 4.5
	AT	62 ± 4.5	416 ± 5.6***
	TT	61 ± 3.1	365 ± 5.1
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	59 ± 2.9	403 ± 6.4
	AC	56 ± 3.6	415 ± 6.0
	CC	55 ± 4.2	434 ± 7.3

Воспроизводительные качества коров в зависимости от генотипа

SNP	Генотип	Коэффициент воспроизводительной способности	Кратность осеменения
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	1,00 ± 0,01***	1,20 ± 0,06
	AG	0,88 ± 0,03	1,50 ± 0,07
	GG	0,87 ± 0,02	1,53 ± 0,11
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	0,84 ± 0,01	1,59 ± 0,05
	AG	0,85 ± 0,02	1,58 ± 0,12
	GG	0,82 ± 0,01	1,64 ± 0,15
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	0,87 ± 0,03	1,58 ± 0,09
	AG	0,89 ± 0,02**	1,51 ± 0,08
	GG	0,78 ± 0,02	1,69 ± 0,11
BTA-115852-no-rs	AA	0,83 ± 0,04	1,61 ± 0,09*
	AG	1,00 ± 0,01***	1,18 ± 0,05
	GG	0,96 ± 0,01***	1,25 ± 0,09
Hapmap41431-BTA-111895	AA	0,82 ± 0,02	1,68 ± 0,11
	AG	0,85 ± 0,03	1,60 ± 0,09
	GG	0,84 ± 0,04	1,64 ± 0,11
Hapmap42329-BTA-80748	AA	0,85 ± 0,01	1,50 ± 0,12
	AG	0,81 ± 0,02	1,60 ± 0,07
	GG	0,87 ± 0,05	1,45 ± 0,08
UA-IFASA-9208	AA	1,00 ± 0,01***	1,12 ± 0,04
	AT	0,80 ± 0,03	1,54 ± 0,09*
	TT	1,00 ± 0,01***	1,15 ± 0,06
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	0,90 ± 0,06	1,35 ± 0,09
	AC	0,88 ± 0,04	1,45 ± 0,13
	CC	0,87 ± 0,03	1,60 ± 0,11

Table 3
Reproductive qualities of cows depending on genotype

SNP	Genotype	Coefficient reproductive capabilities	Insemination frequency
ARS-BFGL-NGS-4585	AA	1.00 ± 0.01***	1.20 ± 0.06
	AG	0.88 ± 0.03	1.50 ± 0.07
	GG	0.87 ± 0.02	1.53 ± 0.11
ARS-BFGL-NGS-71148	AA	0.84 ± 0.01	1.59 ± 0.05
	AG	0.85 ± 0.02	1.58 ± 0.12
	GG	0.82 ± 0.01	1.64 ± 0.15
ARS-BFGL-NGS-71623	AA	0.87 ± 0.03	1.58 ± 0.09
	AG	0.89 ± 0.02**	1.51 ± 0.08
	GG	0.78 ± 0.02	1.69 ± 0.11
BTA-115852-no-rs	AA	0.83 ± 0.04	1.61 ± 0.09*
	AG	1.00 ± 0.01***	1.18 ± 0.05
	GG	0.96 ± 0.01***	1.25 ± 0.09
Hapmap41431-BTA-111895	AA	0.82 ± 0.02	1.68 ± 0.11
	AG	0.85 ± 0.03	1.60 ± 0.09
	GG	0.84 ± 0.04	1.64 ± 0.11
Hapmap42329-BTA-80748	AA	0.85 ± 0.01	1.50 ± 0.12
	AG	0.81 ± 0.02	1.60 ± 0.07
	GG	0.87 ± 0.05	1.45 ± 0.08
UA-IFASA-9208	AA	1.00 ± 0.01***	1.12 ± 0.04
	AT	0.80 ± 0.03	1.54 ± 0.09*
	TT	1.00 ± 0.01***	1.15 ± 0.06
ARS-BFGL-NGS-85003	AA	0.90 ± 0.06	1.35 ± 0.09
	AC	0.88 ± 0.04	1.45 ± 0.13
	CC	0.87 ± 0.03	1.60 ± 0.11

Библиографический список

1. Смирнов Л. П. 4. АТФ-связывающие транспортные белки семейства abc (ATP-binding cassette transporters, abc). Номенклатура, структура, молекулярное разнообразие, функция, участие в функционировании системы биотрансформации ксенобиотиков // Труды Карельского научного центра РАН. 2020. № 3. С. 5–19. DOI: 10.17076/eb1044.
2. Экхорутомвен О. Т., Медведев Г. Ф., Черникова В. А. Взаимосвязь продолжительности сухостойного периода, молочной продуктивности и репродуктивной способности коров // Животноводство и ветеринарная медицина. 2022. № 2 (45). С. 8–13.
3. Минакова Н. Геномные технологии для животноводства // Наука и инновации. 2021. № 8 (222). С. 4–8.
4. Ражина Е. В. Методы ДНК-тестирования в селекции крупного рогатого скота [Электронный ресурс] // Вестник биотехнологии: электронный научный журнал. 2018. № 2 (16). URL: https://bio-urgau.ru/images/02_2018/Razhina_EV.pdf (дата обращения 13.11.2024).
5. Сермягин А. А., Зиновьева Н. А. Генетический и геномный прогноз племенной ценности быков-производителей черно-пестрой и голштинской пород в России // Достижения науки и техники АПК. 2019. №12. С. 77–82. DOI: 10.24411/0235-2451-2019-11216.
6. Сермягин А. А., Быкова О. А., Лоретц О. Г., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Оценка геномной вариативности продуктивных признаков у животных голштинизированной черно-пестрой породы на основе GWAS анализа и RON паттернов // Сельскохозяйственная биология. 2020. № 2. С. 257–274. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.2.257rus.
7. Зиновьева Н. А. Гаплотипы фертильности голштинского скота // Сельскохозяйственная биология. 2016. Т. 51, № 4. С. 423–435. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.4.423rus.
8. Тарасова Е. И., Нотова Е. И., Гены-маркеры продуктивных характеристик молочного скота (обзор) // Животноводство и кормопроизводство. 2020. № 3. С. 58–80. DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-58.
9. Филипенкова Г. В. Использование ДНК-маркеров в селекционном процессе в молочном скотоводстве // Вестник Российского государственного аграрного заочного университета. 2020. № 34 (39). С. 27–30.
10. 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.
11. Rocha R. F. B., Garcia A. O., Otto P. I., da Silva M. V. B., Martins M. F., Machado M. A., Panetto J. C. C., Guimarães S. E. F. Runs of homozygosity and signatures of selection for number of oocytes and embryos in the Gir Indicine cattle // Mammalian Genome. 2023. Vol. 34. Pp. 482–496. DOI: 10.1007/s00335-023-09989-w.
12. Ferdosi M. H., Henshall J., Tier B. Study of the optimum haplotype length to build genomic relationship matrices // Genetics Selection Evolution. 2016. Vol. 48, No. 01. Article number 75. DOI: 10.1186/s12711-016-0253-6.
13. Гридин В. Ф., Гридина С. Л., Лешонок О. И., Ткаченко И. В., Севостьянов М. Ю., Мырмин С. В., Ткачук О. А. Эффективность работы племенных организаций с крупным рогатым скотом черно-пестрой породы в регионе Урала. Екатеринбург: Джи Лайм, 2021. 116 с.
14. Guarini A. R., Lourenco D. A. L., Brito L. F., Sargolzaei M., Baes C. F., Miglior F., Misztal I., Schenkel F. S. Genetics and genomics of reproductive disorders in Canadian Holstein cattle // Journal of Dairy Science. 2019. Vol. 102, No. 2. Pp. 1341–1353. DOI: 10.3168/jds.2018-15038.
15. Wells C. R. SAS for Mixed Models: Introduction and Basic Applications // The American Statistician. 2021. Vol. 75, No. 2. DOI: 10.1080/00031305.2021.1907997.
16. Huang M., Liu X., Zhou Y., Summers R. M., Zhang Z. BLINK: a package for the next level of genome-wide association studies with both individuals and markers in the millions // Gigascience. 2019. Vol. 91. Pp. 399–404. DOI: 10.1093/gigascience/giy154.
17. Kipp S., Segelke D., Reinhardt F., Reents R., Schierenbeck S., Wurmser C., Pausch H., Fries R., Thaller G., Tetens J., Pott J., Piechotta M., Grünberg W. A new Holstein haplotype affecting calf survival // Interbull Bulletin. 2015. Vol. 49. Pp. 49–53.
18. VanRaden M., Olson K. M., Null D. J., Hutchison J. L. Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes // Journal of Dairy Science. 2011. Vol. 94, No. 12. Pp. 6153–6161. DOI: 10.3168/JDS.2011-4624.

Об авторах:

Ольга Александровна Быкова, доктор сельскохозяйственных наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503. E-mail: olbyk75@mail.ru

Ольга Васильевна Костюнина, доктор биологических наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325. *E-mail: kostolan@yandex.ru*

Анастасия Андреевна Зырянова, аспирант кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; младший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0009-0008-1435-8210, AuthorID 1123090. *E-mail: agata.lis.00@mail.ru*

Олег Александрович Шевкунов, специалист по работе с РИНЦ, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0003-2975-0633, AuthorID 956848. *E-mail: Xoshyn@gmail.com*

Андрей Александрович Ярышкин, научный сотрудник, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; старший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-9215-5952, AuthorID: 777264. *E-mail: x2580x@yandex.ru*

References

1. Smirnov L. P. 4. ATP-binding cassette transporters (ABC). Nomenclature, structure, molecular diversity, function, contribution to the functioning of the xenobiotics transformation system (a review). *Transactions of the Karelian Research Centre of RAS*. 2020; 1: 5–19. DOI: 10.17076/eb1044. (In Russ.)
2. Ekkhorutomven O. T., Medvedev G. F., Chernikova V. A. The relationship between the duration of the dry period, milk production and reproductive ability of cows. *Animal Husbandry and Veterinary Medicine*. 2022; 2 (45): 8–13. (In Russ.)
3. Minakova N. Genomic technologies for animal husbandry. *Science and Innovations*. 2021; 8 (222): 4–8. (In Russ.)
4. Razhina E. V. Methods of DNA testing in cattle breeding. *Biotechnology Bulletin* [Internet] 2018 [cited 2024 Nov 13]; 2 (16). Available from: https://bio-urgau.ru/images/02_2018/Razhina_EV.pdf. (In Russ.)
5. Sermyagin A. A., Zinovyeva N. A. Genetic and genomic prediction of breeding values of Russian black-and-white and Holstein bulls. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2019; 12: 77–82. DOI: 10.24411/0235-2451-2019-11216. (In Russ.)
6. Sermyagin A. A., Bykova O. A., Loretts O. G., Kostyunina O. V., Zinovyeva N. A. Genomic variability assess for breeding traits in holsteinized russian black-and-white cattle using GWAS analysis and ROH patterns. *Agricultural Biology*. 2020; 2: 257–274. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.2.257rus. (In Russ.)
7. Zinovyeva N. A. Fertility haplotypes in Holstein cattle. *Agricultural Biology*. 2016; 52 (4): 423–435. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.4.423rus. (In Russ.)
8. Tarasova E. I., Notova E. I. Gene-markers of the productive characteristics of dairy cattle (review). *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2020; 3: 58–80. DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-58. (In Russ.)
9. Filipenkova G. V. Use of DNA markers in the selection process in dairy cattle breeding. *Bulletin of the Russian State Agrarian Correspondence University*. 2020; 34 (39): 27–30. (In Russ.)
10. Yakovlev A. F. Contribution of haplotypes in the formation of breeding and reproductive traits of animals. *Problems of Productive Animal Biology*. 2019; 2: 5–18. DOI: 10.25687/1996-6733.prodanimbiol.2019.2.5–18. (In Russ.)
11. Rocha R. F. B., Garcia A.O., Otto P. I., da Silva M. V. B., Martins M. F., Machado M. A., Panetto J. C. C., Guimarães S. E. F. Runs of homozygosity and signatures of selection for number of oocytes and embryos in the Gir Indicine cattle. *Mammalian Genome*. 2023; 34: 482–496. DOI: 10.1007/s00335-023-09989-w.
12. Ferdosi M. H., Henshall J., Tier B. Study of the optimum haplotype length to build genomic relationship matrices. *Genetics Selection Evolution*. 2016; 48: 75. DOI: 10.1186/s12711-016-0253-6.
13. Gridin V. F., Gridina S. L., Leshonok O. I., Tkachenko I. V., Sevostyanov M. Yu., Mymrin S. V., Tkachuk O. A. *Efficiency of work of breeding organizations with black-and-white cattle in the Ural region*. Ekaterinburg: Dzhi Laym, 2021. 116 p. (In Russ.)
14. Guarini A. R., Lourenco D. A. L., Brito L. F., Sargolzaei M., Baes C. F., Miglior F., Misztal I., Schenkel F. S. Genetics and genomics of reproductive disorders in Canadian Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*. 2019; 102 (2): 1341–1353. DOI: 10.3168/jds.2018-15038.
15. Wells C. R. SAS for Mixed Models: Introduction and Basic Applications. *The American Statistician*. 2021; 75 (1). DOI: 10.1080/00031305.2021.1907997.
16. Huang M., Liu X., Zhou Y., Summers R. M., Zhang Z. BLINK: a package for the next level of genome-wide association studies with both individuals and markers in the millions. *Gigascience*. 2019; 91: 399–404. DOI: 10.1093/gigascience/giy154.

17. Kipp S., Segelke D., Reinhardt F., Reents R., Schierenbeck S., Wurmser C., Pausch H., Fries R., Thaller G., Tetens J., Pott J., Piechotta M., Grünberg W. A new Holstein haplotype affecting calf survival. *Interbull Buletin*. 2015; 49: 49–53.

18. VanRaden M., Olson K. M., Null D. J., Hutchison J. L. Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *Journal of Dairy Science*. 2011; 94 (12): 6153–6161. DOI: 10.3168/JDS.2011-4624.

Authors' information:

Olga A. Bykova, doctor of agricultural sciences, professor of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503.

E-mail: olbyk75@mail.ru

Olga V. Kostyunina, doctor of biological sciences, professor of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325.

E-mail: kostolan@yandex.ru

Anastasiya A. Zyryanova, graduate student of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; junior research, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0009-0008-1435-8210, AuthorID 1123090. *E-mail: agata.lis.00@mail.ru*

Oleg A. Shevkunov, RSCI specialist, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0003-2975-0633, AuthorID 956848. *E-mail: Xoshyn@gmail.com*

Andrey A. Yaryshkin, research scientist, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; senior researcher, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-9215-5952, AuthorID 777264. *E-mail: x2580x@yandex.ru*