

Научная статья

УДК 636.271:636.082.12

doi: 10.55196/2411-3492-2022-3-37-66-78

## Изменение встречаемости аллелей EAB-локуса групп крови у скота холмогорской породы вследствие голштинизации

Александр Евгеньевич Калашников<sup>✉1,2</sup>, Владимир Леонтьевич Ялуга<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела Министерства сельского хозяйства Российской Федерации, ул. Ленина, 13, п. Лесные поляны, Пушкинский район, Московская область, Россия, 141212

<sup>2</sup>Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаврова Уральского отделения РАН, Набережная Северной Двины, 23, Архангельск, Россия, 163069

<sup>✉1,2</sup>aekalashnikov@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1600-7357>

<sup>2</sup>yaluga29@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>

**Аннотация.** Целью исследований является анализ аллелофонда и изменений по EAB-локусу групп крови скота холмогорской породы при использовании голштинизированных холмогорских быков. Тестирование проводилось методом иммунологического тестирования по реакции агглютинации. Выбор локуса неслучаен, т.к. он в настоящее время наиболее информативен по перечню аллелей. Отмечается сохранение преобладания аллелей холмогорской породы ( $A_2'O'$ ,  $E_3'G'G''$ ) при нарастании частоты встречаемости ( $G_2Y_2E_1'Q'$ ) и появление новых аллелей, характерных для голштинской породы ( $O_1A'_2J'_2K'O'$ ,  $B_2Q'G'G''$ ,  $E'_3G'Q'$ ,  $B_1O_2B'$ ,  $O_4Y_2A_2'$ ,  $O_4D'E_3'F_2'G'O'G''$ ). За последние 5 лет индекс генетического сходства между стадами холмогорского скота в Республике Коми увеличился в 2 раза. Выявлено, что в популяцию Республики Коми привнесены новые аллели голштинской породы, но при этом сохраняется часть аллелей холмогорского скота, исходно полученные из маточного поголовья. Группы таких аллелей переносятся между поколениями животных и свидетельствуют о сохранении структуры генома исходной маточной породы в условиях интенсивной селекции. В том числе аллели переносятся при использовании чистопородных, а также голштинизированных быков-производителей печорского типа породы. Генофонд аборигенной холмогорской породы уникален и требует дальнейшего изучения. Группы антигенов формируют уникальную генетическую структуру стад, которая может служить для идентификации животных по родству, а также породной принадлежности, как это аналогично осуществляется по микросателлитным локусам и SNP-маркерам (стандарт ISAG). Проводилось тестирование как быков-производителей в количестве >30 голов, так и их маточного поголовья в течение более 5 лет (>5925 коров племенных стад). Группы антигенов позволяют оценить изменение генетической структуры популяции холмогорской породы и других пород крупного рогатого скота во временных срезах и получить информацию для действий селекционера при акцентировании внимания на конкретных генетических признаках и их генетической изменчивости, селекционных признаках и оценить инбридинг (антигенное сходство), а не только определять родство животных.

**Ключевые слова:** генетика животных, идентификация, селекция, породы, холмогорский, голштинский, крупный рогатый скот, принадлежность, аллелофонд

**Для цитирования.** Калашников А. Е., Ялуга В. Л. Изменение встречаемости аллелей EAB-локуса групп крови у скота холмогорской породы вследствие голштинизации // Известия Кабардино-Балкарского государственного аграрного университета им. В. М. Кокова. 2022. № 3(37). С. 66–78. doi: 10.55196/2411-3492-2022-3-37-66-78

Original article

## Hanges in the occurrence of alleles of the EAB-locus of blood groups in cattle of the kholmogorsky breed due to holsteinization

Alexander E. Kalashnikov<sup>✉1,2</sup>, Vladimir L. Yaluga<sup>2</sup>

<sup>1</sup>All Russian Research Institute of Animal Breeding, Ministry of Agriculture of the Russian Federation, 13 Lenin street, Lesnye Polyany settlement, Pushkinsky district, Moscow region, Russia, 141212

<sup>2</sup>Federal Research Center for Comprehensive Study of the Arctic named after Academician N.P. Laverov, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 23 Severnaya Dvina Embankment, Arkhangelsk, Russia, 163069

<sup>✉1,2</sup>aekalashnikov@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1600-7357>

<sup>2</sup>yaluga29@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>

**Abstract.** The aim of the research was to analyze the allele pool and its changes in the EAB locus of blood groups of cattle of the Kholmogory breed using absorption crosses with bulls of the Holstein breed. The study was carried out by the method of immunological testing according to the agglutination reaction. The choice of locus is not accidental, because it is currently the most informative in terms of the nomenclature of alleles. The predominance of alleles of the Kholmogory breed (A<sub>2</sub>'O', E<sub>3</sub>'G'G'') is noted with an increase in the frequency of occurrence (G<sub>2</sub>Y<sub>2</sub>E<sub>1</sub>'Q') and the appearance of new alleles specific of the Holstein breed (O<sub>1</sub>A'<sub>2</sub>J'<sub>2</sub>K'O', B<sub>2</sub>Q'G'G'', E'<sub>3</sub>G'Q', B<sub>1</sub>O<sub>2</sub>B', O<sub>4</sub>Y<sub>2</sub>A<sub>2</sub>', O<sub>4</sub>D'E<sub>3</sub>'F<sub>2</sub>'G'O'G''). Over the past 5 years, the index of genetic similarity between herds of Kholmogory cattle in the Komi Republic has twofold. It was revealed that in the population of Komi Republic introduced new alleles of the Holstein breed, but at the same time, part of the alleles of Kholmogory cattle, originally obtained from the breeding reserve, are conserved. Such alleles are transferred between generations of animals and may indicate the preservation of the genome structure of the original mother breed under conditions of intensive selection. As well as alleles are transmitted when using purebred, as well as Holsteinized sires of the Pechora type of breed. The gene pool of the native Kholmogory breed is unique and requires further study. Groups of antigens form a unique genetic structure of herds, which can serve to identify animals by relationship, as well as breed affiliation, as it is similarly made by microsatellite loci and SNP markers (ISAG standard). Testing was carried out as sires in the amount of >30 heads, and their breeding reserve for more than 5 years (>5925 cows of breeding herds). Groups of antigens make it possible to evaluate the change in the genetic structure of the population of the Kholmogory breed and other breeds of cattle in time slices and obtain information about the breeder's actions when focusing on specific genetic traits and their genetic variability, breeding traits and evaluate inbreeding (antigenic similarity), and not only to determine the relationship of animals.

**Keywords:** animal genetics, identification, selection, breeds, Kholmogory, Holstein, cattle, pedigree, allele pool

**For citation.** Kalashnikov A.E., Yaluga V.L. Hanges in the occurrence of alleles of the EAB-locus of blood groups in cattle of the kholmogorsky breed due to holsteinization. *Izvestiya of Kabardino-Balkarian State Agrarian University named after V.M. Kokov.* 2022;3(37):66–78. (In Russ.).  
doi: 10.55196/2411-3492-2022-3-37-66-78

**Введение.** В последнее время ситуация с неблагоприятными условиями разведения скота оказывает негативное влияние не только на продуктивные качества и объемы производства продукции, но и на устойчивость животных к производственной окружающей среде. Генетический потенциал сельскохо-

зяйственных животных реализуется при взаимодействии организма и его генома с окружающей средой целой, а не половинной долей генетической информации, унаследованной от одного из родителей (считается – быка-производителя), вследствие чего крайне необходимо изучать генетическую струк-

туру популяции не только применяемых быков, но и маточного поголовья недорогими и в достаточной степени массовыми, информативными методами. Подбор животных по устойчивости к заболеваниям и продуктивности, с использованием только лишь фенотипических данных и формированием фенотипических индексов не всегда информативен, т. к. фенотип не всегда соответствует генотипу, а процессы комбинаторики генов при оплодотворении могут создавать весьма неудачные комбинации даже у выдающихся по своим качествам родителей.

Именно изучение генетической структуры и функций генома, при одновременном регрессном многофакторном анализе фенотипа, с вычленением из него генетической наследственности при помощи BLUE-методов (BLUP – частный случай линейных регрессных моделей, широко распространенный в химической и металлургической промышленности, анализе военных и экономических данных и в животноводстве), позволит решить вопрос с улучшением адаптационных и производственных качеств животных при их специальном индивидуальном подборе. Для реализации селекционных целей является особенно важным изучение генетической структуры стад, в том числе с помощью антигенных факторов или аллелей групп крови. Изучение структуры позволяет оценить инбридинг, генетическое сходство животных на индивидуальном уровне.

Изменчивость генов групп крови является частью общего генофонда, а созданная в процессе эволюции система интеграции генетического материала позволяет судить о структуре и характере других комплексов генов, в том числе через их сцепление, в т.ч. определяющих устойчивость животных к неблагоприятным факторам окружающей среды.

Холмогорская порода скота занимает 3-е место по численности животных в России (отчетность ВНИИплем до 2019 г.) [1]. У животных холмогорской породы крепкая конституция, гармоничное телосложение и высокий уровень иммунного статуса, поэтому они обладают высокими акклиматизационными и адаптационными качествами, достаточно высокой молочной продуктивностью и отличным качеством молока. В последнее

время заказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации ориентирован на увеличение молочной продуктивности, и для сравнения взята голштинская порода, которая является более высокопродуктивной, но имеет меньший срок продуктивного долголетия. Чистопородные животные холмогорской породы перестали удовлетворять заказчика племенного материала в сравнении с породами США и в условиях интенсивной технологии получения молока, но у них выше фертильность матерей, длительность продуктивного использования и качество молока по жирности и белковомолочности [2].

В Республике Коми работа по интенсификации молочной продуктивности началась позднее, применяются не самые современные методы селекции и, конечно же, порода отстает по показателям в сравнении с молочными породами США, но выигрывает по качеству молока и здоровью животных [3]. Сейчас происходит интенсивное полное поглощение чистопородного холмогорского скота голштинской породой.

Тем не менее в Коми в племенных хозяйствах использовалось более 30-ти быков-производителей с различной долей кровности и более 50-ти холмогорских быков. Предпринятыми мерами численность к 2021 году чистопородных производителей выросла более чем на 80 голов (новая отчетность 2021-2022 гг.), а количество использованных голштинизированных быков снизилось и стало менее 20 голов.

**Материалы и методы исследования.** Генетическая идентификация крупного рогатого скота проведена методом иммунологического анализа по рекомендациям МСХ РФ [4]. Идентификация была необходима для введения официально утвержденных и отвечающих современным требованиям единых генетических сертификатов для племенных животных, а также позволила эффективно провести анализ генетической структуры стад. Достоверность идентификации животных проводится разными методами, по микросателлитным локусам и SNP [5], а также по аллелям локусов групп крови. Возможно использование генотипов животных по группам крови 10-ти генетических систем, но наиболее информативной является панель локуса EAB, которую использовали в данном имму-

нологическом анализе. В настоящее время в системе ЕАВ рассчитано количество генотипов и их возможные комбинации [4].

Иммунологический анализ цельной крови животных проводился в лаборатории иммуногенетики ФГБНУ ВНИИплем МСХ РФ (части экосистемы iДНК-ПЛЕМстат) по моноспецифическим сывороткам с целью выявить эритроцитарные антигены и аллели 9-ти локусов групп крови, информативная часть данных была использована в настоящем анализе.

По данным иммунологического анализа рассчитан коэффициент идентичности генотипов по группам крови, данные по информативности указываются в типовой форме генетического паспорта [6]. Коэффициенты и генетические параметры популяции скота и селекционных групп рассчитаны по общепринятым методикам [7].

В контексте оценки гетерозиготности и гомозиготности аллелей *A* и *B* предполагалась дисперсия:

$$D_{A/B} = \frac{D}{2}(1+r),$$

где:

*r* – коэффициент корреляции средовых факторов.

В случае описания ферментативных реакций, или реакции взаимодействия рецепторов иммунной системы, при скрещивании популяций *x* и *y*, выраженных через их соответствующие дисперсии  $D_x$  и  $D_y$ , получались гибридные группы  $1/2x$  и  $1/2y$ , что соответствовало значению  $(x+y)/2$ . Если популяции различались генетически и потомство предполагалось гетерозиготным, то значение признака у него могло быть выше или равно среднему у родителей (гибридная сила):

$$z = k \frac{x+y}{2}.$$

Тогда паратипическая изменчивость у потомков поколения *z* оценивалась как:

$$D_z = k^2 \frac{1}{4}(D_x + D_y + 2r\sqrt{D_x D_y}).$$

Если принять, что  $D_x = D_y = D$ , тогда:

$$D_z = k^2 \frac{1}{2}D(1+r),$$

а при отсутствии гибридной силы:

$$D_z = \frac{1}{2}D(1+r).$$

Антигенное сходство животных рассчитано следующим образом:

$$r_a = \frac{S}{n_1 + n_2 - S},$$

где:

$r_a$  – индекс антигенного сходства животных,

$n_1$  и  $n_2$  – число выявленных антигенов у сравниваемых животных,

*S* – число одинаковых антигенов у сравниваемых животных.

Например, если генотип «БЫК X»:  $A_1/-G''/A'O' C_1ER_2 F/V -/- -/- M/- S_1H'/- Z/-$ , а телка «Телка X»:  $-/- E'G'G''/- X_2 F/F -/- L/- -/- H'/- -/-$ , тогда у быка выявлено 13 антигенных факторов, у телки 7 (в генотипе  $F/F$  нужно считать лишь один фактор). Одноименных факторов оказалось 3 ( $G''$ ,  $F$ ,  $H'$ ). Получаем:

$$r_a = 3/(13 + 7 - 3) = 3/17 = 0,176.$$

Уровень индивидуальной гетерозиготности в широкой практике считается обычно только по генотипу ЕАВ-локуса групп крови, в остальных локусах фиксируют выявленные генотипы. При определении достоверности происхождения устанавливают все генотипы и структуру локуса. В приведенном примере сомнение может вызвать ЕАС-локус у того и другого животного. Однако установлено, что фенотип группы  $C_1E$  быка унаследовал от отца, а фактор  $R_2$  от матери. Следовательно, его генотип по ЕАС-локусу будет  $C_1E/R_2$ . Таким образом установлено, что генотип ЕАС-локуса телки будет  $X_2/X_2$ , т.е. он гомозиготен. Можно подсчитать, что у быка из 9 исследованных локусов гетерозиготными являются 7, а у телки – 3. Уровень индивидуальной гетерозиготности у быка составит:  $7/9 \cdot 100\% = 77,8\%$ , а у телки  $3/9 \cdot 100\% = 33,3\%$ .

Эффективность оценки степени родства при прогнозе племенной ценности быков методом геномной оценки позволила также актуализировать данные использования в разведении крупного рогатого скота быков-производителей ( $n > 30$ ) и их дочерей ( $n > 5925$ ) (если не указано иначе), прошедших ЕАВ-идентификацию. Это дало возможность прогнозировать ожидаемую продуктивность потомства в стадах, оптимизи-

ровать генетическую структуру стада, сохранить необходимую генетическую изменчивость в условиях глобализации рынка генетических ресурсов. В исследовании задавался 95% уровень достоверности и связи оценки с удоем матерей быков ( $r=0,44$ ,  $p<0,05$ ) [8].

**Результаты и обсуждение.** В настоящей работе уделено внимание именно изменению аллелофонда при контролируемой межпородной гибридизации черно-пестрого крупного рогатого скота, но при этом остается за кадром важный вопрос применения в практической селекции полиморфных систем по группам крови, микросателлитам и SNP [9]. Проводятся поиски новых универсальных подходов геномной селекции при использовании панелей маркеров для оценки количественных признаков (признаков, поддающихся инструментальному количественному измерению и статистической оценке QTL), картированию генома (генетические чипы Illumina SNP 54K, HD, разработки Affimetrix (Termo Fisher, США), а также создания сложных систем фенотипа и генома одновременно в регрессионных моделях и при помощи математических методов сетевой биологии [10].

В последних работах по наследованию признаков аборигенных пород показано:

1) полиморфные признаки имеют очевидное приспособительное значение, причем в процессе эволюции они оказались связанными с интеграцией в сложные полигенные системы наследования;

2) во многих случаях признаки поддерживаются в сбалансированной форме наследования за счет адаптивного преимущества гетерозигот;

3) степень полиморфности является мерой генетического разнообразия, она отражает запас экологической пластичности популяций, поскольку повышенная гетерозиготность увеличивает комбинаторные возможности генома животных в процессе наследования [11].

При этом уже в XXI веке причина преимуществ гетерозиготного генотипа над гомозиготным не выяснена, и случаи моногенного (одно-локусного) или маркерного (QTL) наследования в нее не укладываются [12].

При пороодообразовании гетерозис может проявляться в двух видах: гибридной силы (когда среднее значение проявления селекционного признака у гибридных потомков превышает среднее значение у родителей) и генетический гомеостаз (когда уровень изменчивости по QTL у потомков оказывается ниже или равным у родителей). В последнее время влияние среды рассматривается как «шумы», мешающие оценке генетической ценности животных, тогда как в иммунной системе они не препятствуют передаче информации в процессе морфогенеза, а влияют на снижение жизнеспособности организмов, интенсивности их роста и развития, т. к. средовая компонента изменчивости в фенотипической селекции не учитывается [13–15].

В данном ключе сведения о селективном преимуществе гетерозигот и гипотез, объясняющих возникновение гетерозиса, являются абстрактными и их сложно использовать в практической селекции. Однако генетический полиморфизм и оценка уровня гетерозиготности крупного рогатого скота аборигенных пород значительно приближает реальную действительность в генетической оценке популяций и поддается прогнозу. Это основывается на том, что все локусы иммунной системы локализованы в разных соматических хромосомах, а блочная организация генома делает их маркерами в генных ассоциациях, исследующихся в поколениях как единое целое [16]. В связи с этим показатель среднего уровня гетерозиготности по исследуемым группам крови (как части общей иммунной системы скота) может служить универсальным параметром, позволяющим оценивать генетическую структуру стад или отдельных особей, определять степень ее приспособленности к неблагоприятным условиям производственной среды. Однако наличие данных по уровню гетерозиготности с отдельными фенотипическими признаками коррелирует в большинстве случаев недостаточно достоверно, и эти данные могут применяться лишь в общем отборе животных [17].

В исследуемых хозяйствах использовался линейный подбор, межлинейные кроссы и скрещивание. Подразумевается, что линейный подбор является по сути гомогенным, а другие разновидности гетерогенными. Подобные допущения, широко применяющиеся

в отечественной селекции в России при работе с аборигенными породами, можно было 30-40 лет назад считать оправданными, но не в настоящее время [18]. Резкое сокращение численности используемых и закрепленных за стадами производителей, односторонний отбор по отдельным селекционным признакам, недостаточная точность фенотипической оценки без применения методов BLUE, недостатки первичного и племенного учета создали в молочных стадах холмогорской породы такую генетическую ситуацию, при которой межлинейная генетическая дифференциация оказалась практически полностью утраченной, а степень генетического сходства производителей в маточном поголовье приблизилась к 1 [19]. В результате разводимые заводские линии холмогорской породы превратились в чисто формальные структурные подразделения как внутри, так и по аналогии между другими породами в России, а производители потеряли возможность оказывать улучшающее влияние на стада. Как ошибочное решение было предложено заменить отечественных быков голштинскими, но при этом не меняя саму систему селекции. Для осуществления последнего генетического сходства производителей с маточным поголовьем должно быть при сложившихся условиях среды на уровне 0,6-0,7. Фактически, оно почти повсеместно приближается к 1. Одновременно исчезли различия в сути линейного подбора и кроссов, активно пропагандируется межпородный гетерозис с улучшающей породой (естественно, приводящий к кратковременному улучшению продуктивных качеств), который, безусловно, коммерчески выгоден фирмам-производителям, РИСЦ, компаниям-импортерам генетического материала в ЕС и США [20]. При отсутствии генетической дифференциации между животными разных линий какой-либо эффект от внутривидовых кроссов холмогорских быков может проявиться только случайно.

Полученные данные позволяют предположить, что в сложившейся ситуации для повышения продуктивности, оплодотворяемости маточного поголовья и улучшения адаптационных качеств животных к неблагоприятным условиям производственной среды целесообразно практиковать не закреп-

пление быков, а индивидуальный подбор пар с использованием иммунологических параметров, что было изучено путем проведения крупномасштабного скрининга [21]. На протяжении последних 20 лет в Республике Коми проводился индивидуальный гетерогенный подбор животных, что дало возможность увеличить гетерозис, по сравнению с традиционным групповым подбором, на >80%, а по сравнению с групповым гетерогенным – на >35%. Это позволило в настоящее время в указанных хозяйствах значительно улучшить оплодотворяемость маточного поголовья по сравнению с голштинским скотом, также содержащимся в тех же условиях кормления и содержания (индекс осеменения 1,6 против 3,6 (опытные группы  $n=250-350$ ). Наиболее полная и детальная оценка эффективности проводилась в племенных заводах «Извайльский 97» («И97») и «Ухта 97» («У97») Республики Коми. Здесь выход телят для холмогорского скота на 100 коров превышал  $90\pm 5$ , при индексе осеменения  $1,4-1,6\pm 0,1$ . Среднесуточный привес молодняка превышал  $577\pm 50$  г, средний случной возраст 19 мес. при живой массе при осеменении более  $360\pm 7$  кг ( $p=0,05$ ,  $n=400-500$ ).

В ходе анализа среднее число гетерозиготных локусов составляло 2,7-4,5 с уровнем гетерозиготности у потомков 30,5-68,0%. Достоверность ЕАВ-идентификации в стадах составляла 85-98%, ошибки первичного учета в дальнейшей работе были полностью исправлены.

При изучении гомозиготности в разведении холмогорского скота выявлено, что сущность инбридинга в современном генетическом понимании этого явления на примере оценки инбредных быков по качеству потомства показало, что близкий инбридинг не дает преимуществ дочерям быка, если исходить из того, что современные технологии позволяют гарантировать получение быков-улучшателей и исключить негативные влияния инбридинга на рентабельное разведение молочного скота [22].

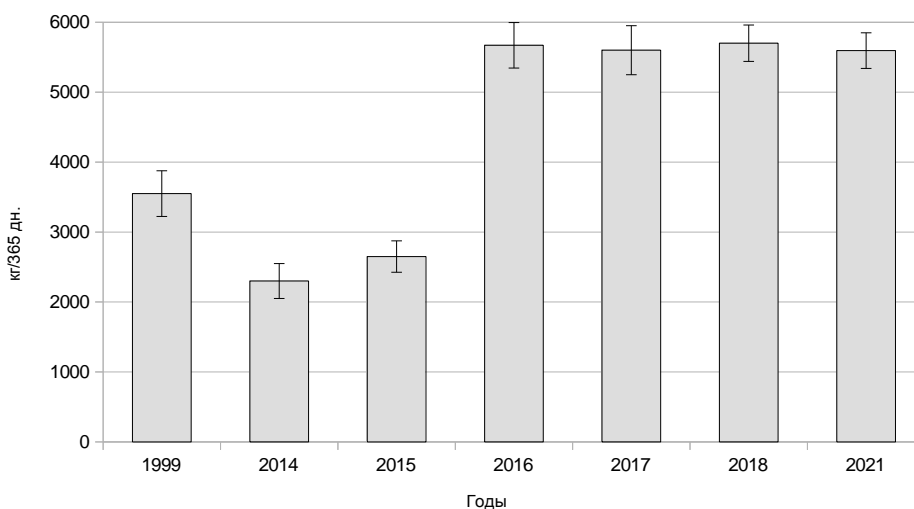
Мониторинг негативных последствий инбридинга в разведении молочного скота позволяет обобщить международный опыт по использованию геномных технологий в холмогорской породе, изучению влияния инбридинга на параметры продуктивности ско-

та, обоснования путей управления инбридингом с целью исключения его негативного влияния на рентабельность разведения животных. В результате анализа выявлено, что эффективное разведение холмогорской породы невозможно без дополнения традиционных представлений новыми инструментами мониторинга селекционных процессов и выяснения влияния степени инбридинга на производство [23].

Генетическое маркирование и гарантия прогресса изменения генетической ценности популяции при разведении холмогорской породы характеризуется широким использованием новых совершенных технологий в отрасли, а также в ускорении темпов совершенствования скота, поэтому возрастает роль использования маркированных при помощи генетических чипов 54К по геному аборигенных холмогорских и голштинских быков-производителей. На ведущих племенных предприятиях Республики Коми непрерывно растет численность оцененных по геному молодых быков. Например, сегодня численность оцененных по геному быков-производителей в центральном регионе, в ООО «Московское» по племенной работе изучено изменение численности быков-производителей, происходящих в основном из Германии, США, Канады и Голландии, выросла с 35,5% до 49,0% [24].

Генетическое маркирование иммунной системы в геноме холмогорской породы только начинается [3], и в основном достоверность происхождения племенного скота в настоящее время по прежнему определяется по группам крови, а новых голштинизированных быков по микросателлитным профилям, но без получения карт по генетическим чипам 54К. В настоящей работе обобщены результаты новых исследований за последние 7 лет, включая генетический мониторинг разведения скота, с акцентом на непрерывное улучшение продуктивности и качества холмогорской породы. В качестве задачи на ближайшие годы предлагается создание комплексной программы для получения и автоматической обработки генетических параметров и ускорения их выдачи в производство [25].

Под группами крови в иммунологическом анализе принято считать описание индивидуальных антигенных характеристик эритроцитов [26]. В настоящей работе изучено влияние голштинизации холмогорской породы по частоте встречаемости аллелей EAB-локуса. Аллелофонд проанализирован в трех племенных хозяйствах Республики Коми – племенных заводов «Пригородный» («П»), «Ухта-97» («У97») и «Извайльский-97» («И97»). Можно отметить, что молочная продуктивность выросла в среднем на 2000 кг, содержание жира в молоке увеличилось на 0,36%, а белка сократилось на 0,07% (рис. 1 и 2).

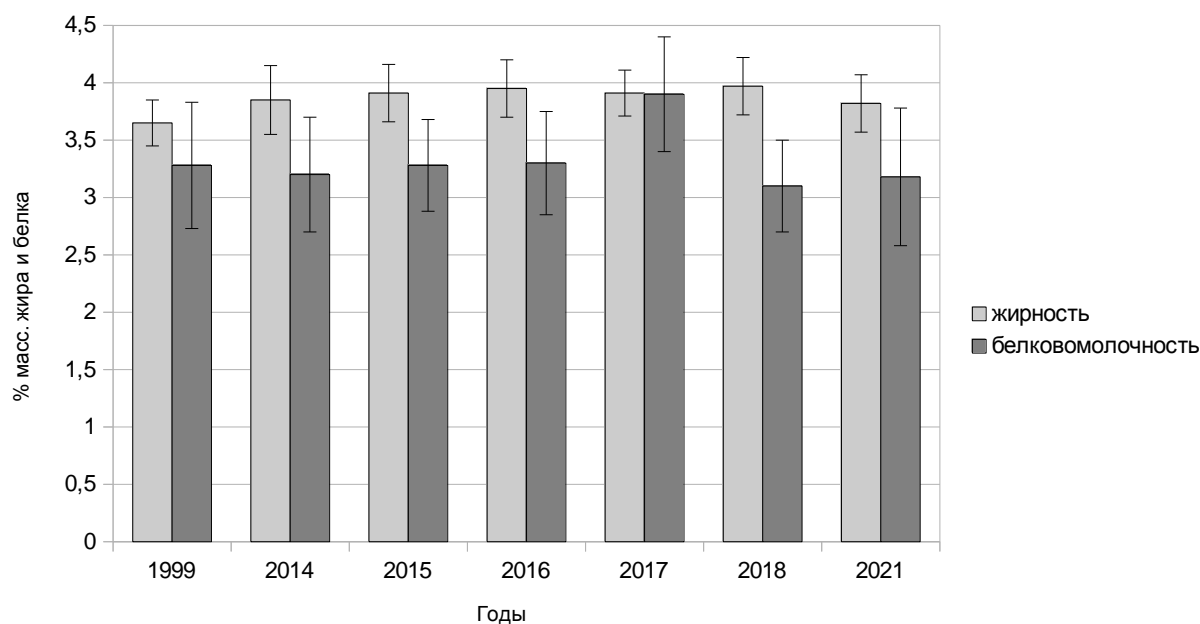


**Рисунок 1.** Динамика средних значений молочной продуктивности коров.

На рисунке указан удой за период в среднем по бонитировке

**Figure 1.** Dynamics of average values of milk productivity of cows.

The figure shows milk yield for the period on average according to selection

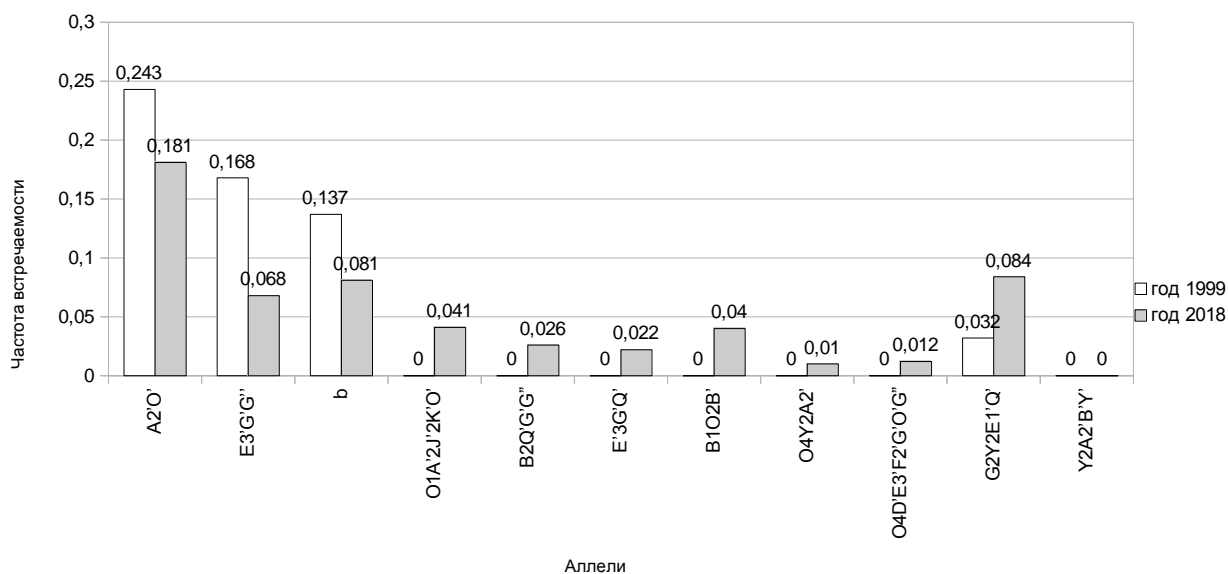


**Рисунок 2.** Динамика качества молока по содержанию жира и белка коров. На рисунке указаны параметры за период в среднем по бонитировке  
**Figure 2.** Dynamics of milk quality in terms of fat and protein content of cows. The figure shows the parameters for the period on average for selection

В настоящее время динамики не наблюдается из-за перестройки системы селекционного процесса в сторону снижения кровности по голштинской породе и недостаточной эффективности внедрения современных методов геномной оценки (рис. 3) [3, 9]. Распростра-

ненность аллелей, их анализ на протяжении 20-30 лет и по данным предыдущих собственных исследований приведен в таблице 1.

Различия в генетическом сходстве по антигенным локусам и их анализ указаны в таблице 2 и на рисунке 4.



**Рисунок 3.** Изменчивость частотных характеристик холмогорской породы. На диаграмме указаны данные с разницей приблизительно в 9 поколений животных  
**Figure 3.** Variability of the frequency characteristics of the Kholmogory rock. The diagram shows data with a difference of nearly 9 generations of animals



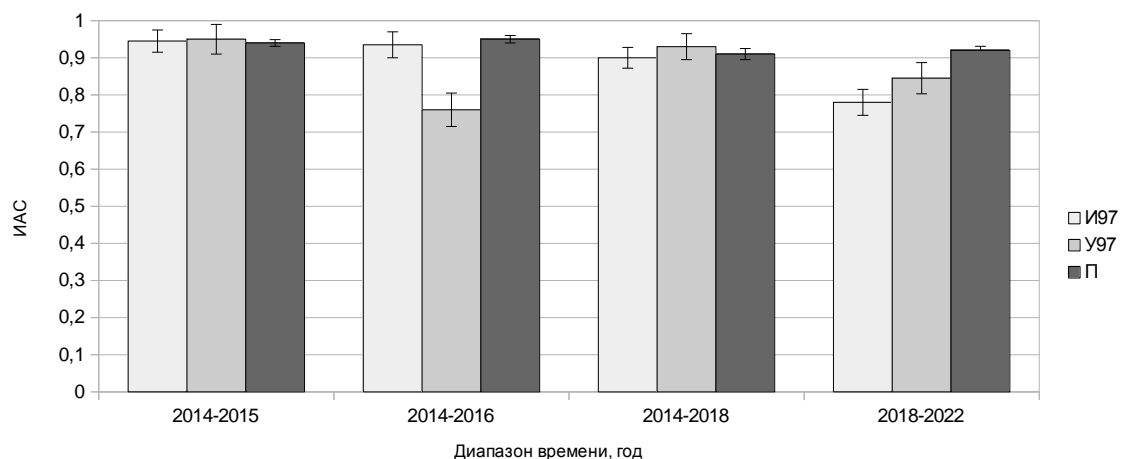
**Таблица 1.** Распространенность аллелей локуса EAB в холмогорской породе в Республике Коми  
**Table 1.** The prevalence of EAB locus alleles in the Kholmogory breed in the Komi Republic

Аллель	Порода	Частота и изменения	Заключение
$A_2'O$	холмогорская	уменьшается >1,3 раза*	распространены
$E_3'G'G''$ $b$	холмогорская	>в 2,5 и 1,7 раза* [27]	распространены
$Y_2A_2'B'Y$	холмогорская	отсутствует	отсутствует
$O_1A'2J_2K'O', B_2Q'G'G'', E'3G'Q', B_1O_2B', O_4Y_2A_2', O_4D'E_3'F_2'G'O'G''$	голштинская	>2,6 раза* (привнесение новых аллелей от голштинской породы в популяцию)	вновь обнаружен
$G_2Y_2E_1'Q'$	голштинская	частота выросла	коровы, носители аллеля $G_2Y_2E_1'Q'$ имели более короткий срок хозяйственного использования [7]

\* $P \leq 0,001$

**Таблица 2.** Индекс антигенного сходства в холмогорской породе (маточное поголовье)  
**Table 2.** Index of antigenic similarity in the Kholmogory breed (breeding stock)

Хозяйство	Порода	Значение	Заклучение
Внутри стад И97, У97, П	Холмогорская 1980-2018 г.	был $0,856 \pm 0,050$	снизился с 10,2% до 8,1%
Между стад И97, У97, П	Холмогорская 2014-2019 г.	диапазон 0,322-0,334	существовали значимые различия [6, 8]
Между стад У97, П	Холмогорская 2018 г.	0,862	различия между стадами сократились
Между стад И97, У97 И97, П	Холмогорская 2018 г.	0,627	различия между стадами сократились
Между стад У97, П	Холмогорская 2018 г.	0,671	различия между стадами сократились



**Рисунок 4.** Изменение индекса антигенного сходства в стадах холмогорского скота.  
На рисунке показаны усредненные значения по популяции в различные временные интервалы

**Figure 4.** Change in the index of antigenic similarity in the herds of Kholmogory cattle.

The figure shows the average values for the population at different time intervals

При анализе индекса генетического сходства в хозяйствах по годам выявлено, что в хозяйстве «П» за последние пять лет существенных изменений генетической структуры стада не наблюдалось, тогда как в других двух хозяйствах отмечались ежегодные достоверные сдвиги по частоте встречаемости аллелей (рис. 3). Следует отметить, что в исследуемых хозяйствах использовались примерно одни и те же быки тех же генетических линий, что и в настоящее время. Голштинизированных быков-производителей было примерно 29-36% от общего числа. При этом индекс сходства увеличивался и увеличивается по настоящее время.

**Выводы.** Потенциал голштинской породы в плане продуктивности и экстерьера высок и заманчиво использовать быков этой породы для улучшения производственных качеств холмогорской породы. Но получается, что вместе с этим новые животные теряют гармоничность конституции, и у них снижается иммунный статус, напрямую связанный с генетическим сходством стад. Обычно закрепляется небольшое количество

голштинизированных быков 1-го поколения, и за счет этого растет инбридинг.

Применение своих чистопородных быков решило бы эту проблему при разведении породы в себе, но необходимо совершенствовать продуктивные качества коров, используя более современные методы генетической оценки. В результате представленной работы выявлено, что использование голштинизированных быков при совершенствовании холмогорского скота привело к появлению в популяции новых аллелей, характерных для голштинского скота, однако животные этой породы пока сохраняют свою уникальную генетическую структуру, что подтверждается высокой частотой встречаемости маркерных аллелей.

Результаты проведенных исследований в лаборатории иммуногенетики (в рамках проектов экосистемы iДНК-ПЛЕМстат) подтверждают возможность и целесообразность использования групп крови для контроля селекционных процессов и сохранения оптимальной генетической структуры холмогорской породы.

### Список литературы

1. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2018 год). Изд-во ВНИИплем, 2019. 254 с.
2. Кертиев Р. М. Программа разведения и совершенствования крупного рогатого скота холмогорской породы // Зоотехния. 2016. № 2. С. 14–15.
3. Матюков В. С. Методы современной селекции и сохранение генофонда молочного скота в Республике Коми. Сыктывкар: ГНУ НИИСХ Россельхозакадемии Республики Коми, 2012. 156 с.
4. Охапкин С. К. и др. Использование групп крови для индивидуального подбора крупного рогатого скота: методические рекомендации. 1996. С. 1–37.
5. Тяпугин С. Е. и др. Генетическая идентификация сельскохозяйственных и диких видов животных: методические рекомендации. ВНИИплем. 2021. 74 с.
6. Новиков А. А., Семак М. С., Хрунова А. И. Генетическая паспортизация сельскохозяйственных животных методом иммуногенетического анализа // Зоотехния. 2017. № 2. С. 2–5.
7. Кузьменко В. Я., Мусатова О. В. Популяционная биология: учебно-методический комплекс. Витебск: Витебский государственный университет им. П. М. Машерова. 2007. 101 с.
8. Новиков А. А., Хрунова А. И., Букаров Н. Г. Эффективность маркирования для прогноза племенной ценности быков методом геномной оценки и теста EAB // Зоотехния. 2017. № 12. С. 2–6.
9. Немцева Е. Ю., Лаврентьев А. Ю. Использование иммуногенетического анализа в целях повышения молочной продуктивности коров // Вестник Чувашской государственной сельскохозяйственной академии. 2019. № 4(11). С. 97–101.
10. Калашников А. Е., Калашников Л. А., Ялуга В. Л., Прожерин В. П. Постгеномная селекция крупного рогатого скота как необходимый этап развития успешной экономической модели в России // Главный зоотехник. 2019. № 5. С. 3–10.
11. Калашников А. Е., Гладырь Е. А., Новиков А. А. и др. Картирование генов врожденного иммунитета крупного рогатого скота отечественных пород для изучения основ формирования селекционно значимых признаков // Зоотехния. 2019. № 9. С. 2–4.

12. Мухтарова О. М., Кривикова А. Н. Проблемы генетики в связи с требованиями современного животноводства // *Инновационная наука*. 2021. № 4. С. 85–87.
13. Кирсанов В. В., Матвеев В. Ю., Тареева О. А. Влияние зоотехнических факторов на качество молока, получаемого на фермах // *Вестник Бурятской государственной сельскохозяйственной академии им. В. Р. Филиппова*. 2017. № 3(48). С. 32–40.
14. Сакса Е. И. Использование оценки геномной племенной ценности быков в селекции голштинского скота // *Достижения в генетике, селекции и воспроизводстве сельскохозяйственных животных: Материалы Международной научно-практической конференции, Санкт-Петербург. 29–30 мая 2019 года*. С. 52.
15. Харламов А. В., Панин В. А., Косилов В. И. Повышение эффективности геномной селекции молочного скота // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. 2019. № 77. С. 256–259.
16. Калашников А. Е. [и др.] Геномная селекция как основа племенной работы // *Вестник КрасГАУ*. 2021. № 7(172). С. 163–170.
17. Дунин И. М., Тяпугин С. Е., Пржибыл Й. Оценка племенной ценности сельскохозяйственных животных и ее использование в селекционной практике: методическое пособие. Лесные Поляны: ВНИИплем. 2021. 73 с.
18. Патент 2163435 Российская Федерация, МПК А01К 67/02. Способ увеличения продуктивного долголетия коров холмогорской породы / А. И. Хрунова, Н. П. Богатноу, В. М. Захаров, С. К. Охупкин; заявитель и патентообладатель: ВНИИплем, 99117185/13; заявл. 05.08.1999; опубл. 27.02.2001.
19. Калашников А. Е. [и др.] Линейные модели как решение прогнозирования генетического потенциала животных и растений // *Вестник Ошского государственного университета*. 2020. № 2-2. С. 21–27.
20. Алтухов А. Продовольственная безопасность России в условиях зарубежных санкций // *АПК: Экономика, управление*. 2014. № 12. С. 12–29.
21. Прожерин В. П., Селькова И. В., Калашников А. Е. Генетическая изменчивость быков-производителей Архангельской популяции холмогорской породы крупного рогатого скота по поколениям // *Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П. А. Костычева*. 2020. № 4(48). С. 47–54.
22. Дунин И. М. [и др.]. Племенная работа с холмогорской породой скота / П. Лесные поляны, Московская область: ВНИИплем. Вып. 31. 2017. 80 с.
23. Букаров Н. Г., Морозов И. М., Хрунова А. И. Геномное маркирование и гарантия прогресса в разведении крупного рогатого скота // *Повышение конкурентоспособности животноводства и задачи кадрового обеспечения: материалы Международной научно-практической конференции, пос. Быково, 19-20 июня 2018 года*. 2018. С. 59–66.
24. Букаров Н. Г., Морозов И. М., Хрунова А. И. Динамика изменения численности оцененных по геному быков-производителей ОАО «Московское» по племенной работе // *Селекция на современных популяциях отечественного молочного скота как основа импортозамещения животноводческой продукции: материалы Всероссийской научно-практической конференции с международным участием, Белгород, 05–08 июня 2018 года*. Белгород. 2018. С. 43–48.
25. Терентьева Н. А., Калашников А. Е. Несовершенство управления в системе селекционно-племенной работы // *Фундаментальные и прикладные исследования: естественные науки: Материалы Национальной научно-практической конференции молодых ученых и студентов, Уфа, 30 апреля 2021 года*. С. 180–185.
26. Черникова Е. М., Зайцева И. Е., Гавриченко Н. И. Генотипирование быков-производителей по локусу гена *Bola-DRB 3* // *Ученые записки учреждения образования Витебская орден Знак почета государственная академия ветеринарной медицины*. 2019. Т. 55. № 3. С. 162–167.

## References

1. *Ezhegodnik po plemennoj rabote v molochnom skotovodstve v hozyajstvah Rossijskoj Federacii (2018 god)* [Yearbook on breeding work in dairy cattle breeding in the farms of the Russian Federation (2018)]. Izd-vo VNIplem, 2019. 254 p. (In Russ.)
2. Kertiev R.M. The program of breeding and improving cattle of the Kholmogory breed. *Zootekhnika*. 2016;(2):14–15. (In Russ.)
3. *Komi* [Methods of modern breeding and conservation of the gene pool of dairy cattle in the Komi Republic]. Syktyvkar: GNU NIISKH Rossel'hozakademii Respubliki Komi, 2012. 156 p. (In Russ.)

4. Ohapkin S.K. [et al.]. *Ispol'zovanie grupp krovi dlya individual'nogo podbora krupnogo rogatogo skota* [The use of blood groups for the individual selection of cattle]: *metodicheskie rekomendacii*. 1996. P. 1–37. (In Russ.)
5. Tyapugin S.E. [et al.] *Geneticheskaya identifikaciya sel'skohozyajstvennyh i dikih vidov zivotnyh. Metodicheskie rekomendacii*. [Genetic identification of agricultural and wild animal species. Guidelines.]. VNIIPlem. 2021. 74 p. (In Russ.)
6. Novikov A.A., Semak M.S., Khrunova A.I. Genetic certification of farm animals by immunogenetic analysis. *Zootechniya*. 2017;(2):2–5. (In Russ.)
7. Kuz'menko V.Ya., Musatova O.V. *Populyacionnaya biologiya: uchebno-metodicheskij kompleks* [Population biology: educational and methodological complex]. Vitebsk: Vitebskij gosudarstvennyj universitet im. P.M. Masherova. 2007. 101 p. (In Russ.)
8. Novikov A.A., Khrunova A.I., Bukarov N.G. Efficiency of genetic marking of the sires appraised on a genome and test EAB. *Zootechniya*. 2017;(12):2–6. (In Russ.)
9. Nemtseva E.Yu., Lavrentyev A.Yu. Use of an immunogenetic analysis to increase milk yield of cows. *Vestnik Chuvash State Agricultural Academy*. 2019;4(11):97–101. (In Russ.)
10. Kalashnikov A.E., Kalashnikova L.A., Yaluga V.L., Prozherin V.P. Post-genomic selection of cattle as a necessary stage in the development of successful economic model in Russia. *Glavnyi zootekhnik*. 2019;(5):3–10. (In Russ.)
11. Kalashnikov A.E., Gladyr E.A., Novikov A.A. [et al.]. Mapping of genes of innate immunity of cattle of native breeds is to study the principles of formation of selection and significant signs. *Zootechniya*. 2019;(9):2–4. (In Russ.)
12. Mukhtarova O.M., Krovikova A.N. *Problemy genetiki v svyazi s trebovaniyami sovremennogo zhivotnovodstva* [Problems of genetics in connection with the requirements of modern animal husbandry]. *Innovation science*. 2021;(4):85–87. (In Russ.)
13. Kirsanov V. [et al.] The influence of zootechnical factors on the quality of milk produced on farms. *Vestnik of Buryat state academy of agriculture named after V. Philippov*. 2017;3(48):32–40.
14. Saksa E.I. Using the assessment of the genomic breeding value of bulls in the selection of Holstein cattle. *Advances in genetics, breeding and reproduction of farm animals* [Proceedings of the International Scientific and Practical Conference]: *materialy Mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii*. Sankt-Peterburg. 29–30 may 2019. P. 52. (In Russ.)
15. Kharlamov A.V., Panin V.A., Kosilov V.V. Improving the effectiveness of genomic breeding of dairy cattle. *Izvestia Orelburg State Agrarian University*. 2019;(77):256–259. (In Russ.)
16. Kalashnikov A.E. [et al.]. Genomic selection as a basis of breeding (review). *The Bulletin of KrasGAU*. 2021;7(172):163–170. (In Russ.)
17. Dunin I.M., Tyapugin S.E., Przhibyl J. *Ocenka plemennoj cennosti sel'skohozyajstvennyh zivotnyh i ee ispol'zovanie v selekcionnoj praktike* [Evaluation of the breeding value of farm animals and its use in breeding practice]: *metodicheskoe posobie*. Lesnye Polyany: Vserossijskij nauchno-issledovatel'skij institut plemennogo dela, 2021. 73 p. (In Russ.)
18. Patent 2163435 Russian Federation, IPC A01K 67.02. A method for increasing the productive longevity of cows of the Kholmogory breed. A.I. Khrunova, N.P. Bogatnou, V.M. Zakharov, S.K. Okhapkin; applicant and patent holder All-Russian Research Institute of Breeding – 99117185.13; dec. 08.05.1999; publ. February 27, 2001. (In Russ.)
19. Kalashnikov A.E. Linear modeling as a solution for predicting the breed values of animals and plants. *Herald of Osh State University*. 2020;(2-2):21–27. (In Russ.)
20. Altukhov A. *Prodovol'stvennaya bezopasnost' Rossii v usloviyakh zarubezhnykh sanktsiy* [Food security of Russia in the context of foreign sanctions]. *AIC: economics, management*. 2014;(12):12–29. (In Russ.)
21. Prozherin V.P., Selkova I.V., Kalashnikov A.E. Genetic variability of sire bulls in the Arkhangelsk population of the kholmogory breed when observed over generations. *Herald of Ryazan State Agrotechnological University named after P.A. Kostychev*. 2020;4(48):47–54. (In Russ.)
22. Dunin I.M. [et al.]. *Plemennaya rabota s holmogorskoj porodoj skota*. [Breeding work with the Kholmogory breed of cattle. Lesnye polyany, Moskovskaya oblast': VNIIPlem, 2017. Vyp. 31. 80 p. (In Russ.)
23. Bukarov N. G., Morozov I. M., Khrunova A. I. Genomic marking and guarantee of progress in cattle breeding. *Povyshenie konkurentosposobnosti zhivotnovodstva i zadachi kadrovogo obespecheniya* [Increasing the competitiveness of animal husbandry and staffing tasks]: *materialy mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii*. Pos. Bykovo, June 19–20, 2018. Pp. 59–66. (In Russ.)
24. Bukarov N.G., Morozov I.M., Khrunova A.I. Dynamics of changes in the number of sires estimated by the genome of JSC "Moskovskoye" for breeding work. *Selekciya na sovremennyh populyatsiyah otechestvennogo molochnogo skota kak osnova importozameshcheniya zhivotnovodcheskoj produkcii* [Breeding on modern populations of domestic dairy cattle as the basis for import substitution of livestock products]: *mate-*

rialy Vserossijskoj nauchno-prakticheskoy konferencii s mezhdunarodnym uchastiem, Belgorod, June 05-08, 2018. 2018. Pp. 43–48. (In Russ.)

25. Terent'eva N.A., Terent'eva N.A., Kalashnikov A.E. Imperfection of management in the system of selection and breeding work. *Fundamental'nye i prikladnye issledovaniya: estestvennye nauki* [Fundamental and applied research: natural sciences]: *materialy Nacional'noj nauchno-prakticheskoy konferencii molodyh uchennyh i studentov*, Ufa, April 30, 2021. Pp. 180–185. (In Russ.)

26. Chernikova E.M., Zaitseva I.E., Gavrichenko N.I. *Genotipirovanie bykov-proizvoditelej po lokusu gena Bola-DRB 3* [Genotyping of bulls-manufacturers by the locus of the Bola-DRB 3 gene]. *Uchenye zapiski uchrezhdeniya obrazovaniya Vitebskaya ordena Znak pocheta gosudarstvennaya akademiya veterinarnoy mediciny*. 2019;55(3):162–167. (In Russ.)

---

#### Сведения об авторах

**Калашников Александр Евгеньевич** – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории иммуногенетики, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела» Министерства сельского хозяйства Российской Федерации; старший научный сотрудник лаборатории растениеводства, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени академика Н. П. Лаврова», SPIN-код: 2087-2029, AuthorID: 160570, Scopus ID: 13410341300, Researcher ID: C-7568-2014

**Ялуга Владимир Леонтьевич** – кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий отделом животноводства, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики имени Н. П. Лаврова» Уральского отделения Российской академии наук, SPIN-код: 6958-0891, Author ID: 489262

#### Information about the author

**Alexander E. Kalashnikov** – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of Immunogenetics, All-Russian Research Institute of Breeding of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation; Senior Researcher, Laboratory of Plant Growing, Federal Research Center for Comprehensive Study of the Arctic named after Academician N.P. Laverov, SPIN-code: 2087-2029, Author ID: 160570, Scopus ID: 13410341300, Research ID: C-7568-2014.

**Vladimir L. Yaluga** – Candidate of Agricultural Sciences, Head of the Department of Animal Husbandry, Federal Research Center for Comprehensive Study of the Arctic named after Academician N.P. Laverov, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, SPIN-code: 6958-0891, Author ID: 489262

---

**Авторский вклад.** Все авторы принимали непосредственное участие в планировании, выполнении и анализе данного исследования. Все авторы настоящей статьи ознакомились и одобрили представленный окончательный вариант.

**Author's contribution.** All authors were directly involved into the planning, execution and analysis of this study. All authors of this article have read and approved the submitted final version.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interest.** The authors declare no conflict of interest.

---

*Статья поступила в редакцию 07.07.2022;  
одобрена после рецензирования 02.08.2022;  
принята к публикации 05.08.2022.*

*The article was submitted 07.07.2022;  
approved after reviewing 02.08.2022;  
accepted for publication 05.08.2022*