

Обзорная статья

УДК 636.2:636.082

doi: 10.55196/2411-3492-2023-4-42-87-102

Генотипирование как фактор совершенствования племенных и продуктивных качеств скота

Орест Антипович Басонов^{✉1}, Рубен Варданович Гинойан²,
Алиса Сергеевна Козминская³, Артем Александрович Асадчий⁴

Нижегородский государственный агротехнологический университет, проспект Гагарина, 97,
Нижний Новгород, Россия, 603107

¹[✉bassonov.64@mail.ru](mailto:bassonov.64@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0002-7916-4774>

²r.ginojan@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1501-1821>

³alisa0588@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-0410-0511>

⁴asadchiy.nightdragon@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4456-4735>

Аннотация. Для наращивания поголовья крупного рогатого скота мясных пород и дальнейшего совершенствования его породных качеств необходима селекция, опирающаяся на достоверную информацию о происхождении животных и наиболее значимых генах-маркёрах продуктивных и воспроизводительных качеств. В статье приведен обзор литературных данных по достижениям современной генетики, которые используются для определения геномного статуса и происхождения животных, а также для выявления полиморфизма значимых генов-маркёров мясной продуктивности. Данное исследование является актуальным и направлено на разработку новых селекционных форм животных, которые объединяют в себе высокую мясную продуктивность с использованием современных селекционно-генетических методов и морфологической оценки качества продукции. Использование генетических маркёров в полногеномной селекции мясного скотоводства, в сочетании с основополагающими зоотехническими методами и методами морфологического контроля, значительно ускорит процесс создания стад с высоким генетическим потенциалом продуктивности. Главная задача для создания высокопродуктивных стад герефордского скота с помощью генотипирования заключается в определении генетических особенностей животных с целью выбора лучших родителей для разведения. В перспективе это дает возможность создания собственных линий и регионального породного типа.

Ключевые слова: генотипирование, герефордская порода, геномная селекция, маркёры мясной продуктивности, ДНК-чипы, полиморфизм, селекция мясного скота

Для цитирования. Басонов О. А., Гинойан Р. В., Козминская А. С., Асадчий А. А. Генотипирование как фактор совершенствования племенных и продуктивных качеств скота // Известия Кабардино-Балкарского государственного аграрного университета им. В. М. Кокова. 2023. № 4(42). С. 87–102.
doi: 10.55196/2411-3492-2023-4-42-87-102

Review Article

Genotyping as a factor in improving breeding and productive qualities of cattle

Orest A. Basonov^{✉1}, Ruben V. Ginojan²,
Alice S. Kozminskaya³, Artem A. Asadchy⁴

Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, 97 Gagarin Avenue, Nizhny Novgorod,
Russia, 603107

¹[✉bassonov.64@mail.ru](mailto:bassonov.64@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0002-7916-4774>

²r.ginojan@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1501-1821>

³alisa0588@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-0410-0511>

⁴asadchiy.nightdragon@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4456-4735>

Abstract. In order to increase the number of beef cattle and further improve their breed qualities, breeding based on reliable information about the origin of animals and the most significant genes-markers of productive and reproductive qualities is necessary. The article provides an overview of the literature data on the achievements of modern genetics, which are used to determine the genomic status and origin of animals, as well as to identify polymorphism of significant genes-markers of meat productivity. This study is relevant and is aimed at developing new breeding forms of animals that combine high meat productivity using modern breeding and genetic methods and morphological assessment of product quality. The use of genetic markers in the full genomic breeding of beef cattle breeding, in combination with basic zootechnical methods and methods of morphological control, will significantly accelerate the process of creating herds with a high genetic potential of productivity. The main task for creating highly productive herds of Hereford cattle with the help of genotyping is to determine the genetic characteristics of animals in order to choose the best parents for breeding. In future, this makes it possible to build their own lines and regional breed type.

Keywords: Genotyping, Hereford breed, genomic selection, markers of meat productivity, DNA chips, polymorphism, breeding of beef cattle

For citation. Basonov O.A., Ginoyan R.V., Kozminskaya A.S., Asadchy A.A. Genotyping as a factor in improving breeding and productive qualities of cattle. *Izvestiya of Kabardino-Balkarian State Agrarian University named after V.M. Kokov.* 2023;4(42):87–102. (In Russ.). doi: 10.55196/2411-3492-2023-4-42-87-102

Введение. В настоящее время приоритетными задачами развития животноводства являются вопросы совершенствования племенных и продуктивных качеств сельскохозяйственных животных. В сложившейся ситуации стремление обеспечить продовольственную безопасность и наложение санкций недружественными государствами создали благоприятные условия для развития сельскохозяйственного сектора. С другой стороны, долгое время отечественное сельское хозяйство ориентировалось на запад, как в плане технологий, так и в плане импорта племенного материала, а также всей селекционной политики в целом. Полное импортозамещение возможно только через увеличение поголовья и улучшение продуктивных качеств животных.

В сфере сельского хозяйства всегда было важно искать пути повышения продуктивности скота. Одним из наиболее перспективных подходов является геномная селекция – методика, основанная на использовании информации о геноме животного для прогнозирования его будущей продуктивности. Генотипирование мясного скота породы герефорд имеет как научную, так и практическую значимость. Этот метод является важным инструментом для изучения генетической структуры этой породы, а также для определения генетических маркеров, связанных с желаемыми характеристиками.

Цель исследования – обобщить имеющиеся литературные данные об основах технологии генотипирования и применении ее при производстве продукции животноводства.

Научная ценность заключается в возможности проведения глубокого анализа генетической изменчивости у представителей породы герефорд. Генотипирование позволяет исследователям определить полиморфизмы в генах, ответственных за различные физиологические и экономически важные признаки у животных. Такие данные помогают лучше понять особенности этих животных и выявить потенциально ценные гены или мутации, которые могут быть использованы для улучшения породы.

Практическая значимость заключается в применимости результатов генотипирования в животноводстве. Зная генетический профиль каждого животного, можно принять более обоснованные решения о выборе пар для дальнейшего разведения. Такой подход позволяет улучшить качество потомства, увеличить производительность животноводства и сократить риск возникновения генетических заболеваний или дефектов. Генотипирование также помогает определить степень родства между животными, что особенно важно в случае элитных особей породы герефорд. Это позволяет сократить вероятность скрещивания близкородственных особей и уменьшить риск возникновения наследственных заболе-

ваний. Кроме того, результаты генотипирования могут использоваться при выборе животных для программы искусственного оплодотворения или для формирования новых линий породы. Зная гены, ответственные за желаемые характеристики, можно отбирать самцов и самок с высоким потенциалом передачи этих признаков потомству.

Материалы, методы и объекты исследования. Проведен литературный обзор научных трудов за последние 20 лет, используя ресурсы поисковых систем eLibrary и CyberLeninka по вышеуказанным ключевым словам. Для данного методического анализа мы использовали статьи, содержащие доказательную и экспериментальную базу, вопросам исследования касающиеся технологии генотипирования скота мясных пород.

Результаты исследования. Для повышения эффективности мясного скотоводства и улучшения качества продукции животных необходимо усовершенствование селекционно-племенной работы. В этом контексте геномная селекция является особо эффективным и надежным методом оценки племенных и продуктивных качеств животных, превосходящим традиционные подходы. В настоящее время она – наиболее актуальное и экономически выгодное средство в агропромышленном комплексе. Геномная селекция основана на тесной связи между генотипом и фенотипом животного, а также экстерьера и продуктивных качеств [1–3].

При ведении селекционно-племенной работы в мясном скотоводстве необходимо учитывать уровень продуктивности, адаптированность пород животных к конкретным условиям разведения, приспособленность к промышленной технологии производства продукции и устойчивость к различным заболеваниям. Однако имеющиеся технологии производства продукции и используемые генотипы не в полной мере обеспечивают достаточную рентабельность производства и требуют значительных затрат времени. Одно из решений приведенных вопросов – оценка по происхождению, результаты оценки производителей по качеству потомства, а также анализ варибельности количественных признаков, которые являются составляющими селекционных индексов, позволяющие прогнозировать племенную ценность животных

и ускорить эффективность отбора. Результативность оценки по количественным признакам у высокоспециализированных заводских пород обусловлена влиянием паратипических факторов. Особенно это проявляется при импорте скота в новые условия содержания, когда наблюдается снижение продуктивности и репродуктивной функции, которые возможно оптимизировать улучшением условий кормления, содержания и воспроизводства стада, а также направленным подбором родительских пар и комбинативной изменчивости [4–6].

При разведении животных в новых условиях особое значение имеет генотипирование по различным системам, т. к. часть генофонда может быть потеряна. В программе разведения крупного рогатого скота применяется метод геномной селекции, который использует геномную информацию для оценки ценности племенных особей и формирования высокопродуктивных стад. Геномная селекция играет ключевую роль в современных селекционных программах, значительно способствуя генетическому прогрессу по различным экономически важным характеристикам скота.

Использование молекулярно-генетических методов в животноводстве и разработка метода полимеразной цепной реакции (ПЦР), позволяющих изучить определенные локусы молекулы ДНК и полиморфные системы у разных особей, повлияли на возможности генотипирования животных, поиска маркерных генов, полиморфизм которых является основой проявления изменчивости хозяйственно-полезных признаков и материалом для дальнейшего отбора [5, 7–9].

Геномная селекция представляет собой эффективный метод отбора, превосходящий традиционные подходы в нескольких аспектах. Во-первых, она обладает более короткими интервалами между поколениями, что позволяет ускорить процесс селекции. Во-вторых, она обеспечивает более интенсивный и точный отбор, не ограниченный полом животных. Более того, геномная селекция может быть применена к любому признаку, который регистрируется в изучаемой популяции [9–11].

В частности, геномная селекция имеет большой потенциал для улучшения генети-

ческого прироста мясного скота. Ведь воспроизводство, здоровье, скорость роста, качество мяса и эффективность кормления – все эти факторы являются ключевыми для рентабельности отрасли. Однако следует отметить, что точность геномной селекции в оценке экономической ценности этих признаков может варьироваться от низкой до умеренной [3, 12, 13].

Геномная оценка основывается на обширных базах данных, содержащих информацию о значимых характеристиках для селекционеров. Благодаря геномной оценке можно определить племенную ценность животного с учетом генетической информации. Эта процедура может быть выполнена непосредственно после рождения животного, что позволяет принять решение о его будущем: продаже, использовании в разведении или исключении из племенного стада. Геномная селекция широко применяется в Западной Европе и США [14–16].

Секвенирование – процесс чтения геномных последовательностей целиком. Оно может быть полногеномным, когда читают весь текст генома, и выборочным, когда смотрят какую-то часть или даже отдельные гены.

При генотипировании смотрят отдельные точки. Их может быть много: 3 тысячи, 10 тысяч, 300 тысяч и даже больше. Стоит отметить, что генотипирование можно проводить и методом секвенирования. Мы читаем какие-то фрагменты, но интересовать нас будут все равно отдельные точки. Если мы возьмем геном коровы, его длина составит 3 млрд букв, такая информация для селекционера избыточна, обычно ему хватает 50 тысяч отдельных точек [2, 3, 8, 17].

Помимо этого, возможно также определить наследственную обусловленность характера реализации хозяйственно-полезных признаков, частоту проявления ценных аллелей в генотипах, что позволяет проводить отбор животных желательного типа с высокими показателями селекционных признаков. В настоящее время исследования селекционеров и зоотехников направлены на поиск методов и способов оценки продуктивных качеств животных, а геномные технологии способствуют повышению точности оценки племенной ценности скота уже на начальных этапах постэмбрионального развития [3, 10, 18, 19].

Генотипирование является эффективным инструментом для анализа различных характеристик, таких как продуктивные качества, наличие вредных мутаций или подтверждение родословных животных. Геномные технологии применяются не только в мясном и молочном животноводстве, где они уже получили широкое распространение, но и в селекции лошадей, свиней, мелкого рогатого скота и домашних питомцев.

Постепенно сельское хозяйство переходит от использования точечного генотипирования с небольшим количеством генетических маркеров, например, с помощью метода ПЦР, к массовому генотипированию. В этом случае применяются более производительные технологии, такие как ДНК-чипы и генотипирование с использованием секвенирования.

В России и СНГ наблюдается недостаточное генотипирование животных по сравнению с западными странами. В основном племенные хозяйства проводят генотипирование только быков, в то время как технологии генотипирования материнского поголовья пока менее распространены.

Известно, что по многим хозяйственно-полезным признакам проявляется полиморфность, то есть контролируются множеством генов и их различными вариациями. Поэтому показатели продуктивности животных имеют полигенный характер наследования, каждый из которых выполняет свою определенную роль в геноме. При этом важно учитывать, что более полная реализация продуктивных качеств и генетического потенциала животных возможна только при оптимальных условиях окружающей среды, а также при правильном кормлении и содержании [20, 21].

Функционирование продуктивных способностей сельскохозяйственных животных подвержено влиянию аллельного состояния специфических локусов в генах, что обеспечивает постоянство и прямую зависимость от окружающей среды. Эти гены, известные как гены количественных признаков (QTL), играют важную роль в определении характеристик продуктивности. Кроме того, высокая информативность одиночных нуклеотидных полиморфизмов в геноме (SNP) также была подтверждена. Эти молекулярно-генетические метки связаны с желательными комбинациями хозяйственно ценных признаков [1, 11, 12, 22].

ДНК-маркеры, регулирующие качественные и количественные показатели продуктивности животных, могут быть использованы при оценке генетического потенциала, результатов комбинативной изменчивости и контролировать мясную продуктивность. При этом использование молекулярно-генетических методов на уровне ДНК позволяет выявить различия между группами животных по генетическим вариантам, которые непосредственно влияют на проявление количественных признаков, картографировать их в геноме и проводить отбор животных по происхождению [20, 23].

Приоритетным направлением исследований является оптимизация генетического потенциала сельскохозяйственных животных, который составляет основу селекционной работы и ветеринарной генетики. Между тем при применении указанного метода возникает ряд вопросов, относящихся к принципам функционирования генома и особенностям проявления наследственно обусловленных признаков. Результаты полногеномного анализа отражены в селекционно-племенной работе, хотя оценку племенной ценности и продуктивности проводят на основе фенотипических данных.

В последние годы изучению особенностей разведения и проявления признаков, в т. ч. генотипированию герефордской породы мясного скота, уделяется особое внимание, что является важным звеном в области селекционно-племенной работы, как в России, так и за рубежом.

Учеными-генетиками выявлены несколько важных генетических вариантов, существенно влияющих на формирование мясной продуктивности у крупного рогатого скота [2, 24–27]. В настоящее время изучение полиморфных систем генов и характера взаимосвязи между показателями мясной продуктивности и полиморфными системами, контролирующими мясную продуктивность, нашло практическое применение в мясном скотоводстве. Одной из наиболее распространенных специализированных пород мясного скота в России является порода герефорд.

Герефорд – мясная порода скота, которая получила признание во всем мире благодаря своим отличительным чертам, таким как высокая продуктивность, хорошая адаптация к

различным климатическим условиям и превосходное мраморное мясо. Изучение его генома может помочь нам понять, как эти уникальные черты передаются от поколения к поколению и как мы можем использовать эти знания для улучшения породы.

Генетические исследования герефордского скота получили широкое распространение на мировой арене благодаря активному внедрению геномной селекции. При этом ключевую роль играют ученые-генетики из разных стран, которые целеустремленно работают над изучением генома этой породы.

Один из значимых проектов в данном направлении начался в США. В 2009 году группой ученых, возглавляемых Национальными институтами здравоохранения и Министерством сельского хозяйства США, была проведена первая крупная работа по секвенированию полного генома коровы герефордской породы. Результаты этого исследования стали отправной точкой для дальнейших научных изысканий и выявления закономерностей между определенными генами и продуктивностью животных. Этот проект был осуществлен Консорциумом по секвенированию и анализу генома крупного рогатого скота (BGSAC) и представляет собой один из наиболее масштабных проектов по секвенированию геномов в истории [3, 28, 29].

В Великобритании было запущено отдельное направление по изучению устойчивости герефордского скота к болезням. Благодаря результатам этих работ ученым удалось выделить несколько ключевых генов, ответствующих за иммунитет животных к определенным инфекциям. Это открытие позволило повысить здоровье стад герефорда и увеличить их продуктивность [28, 30].

Сотрудники австралийского научного центра по изучению генома животных провели ряд исследований, направленных на выявление связей между отдельными генами и качеством мяса. Их работа позволила определить наборы генов, ответственных за мраморность, сочность и вкусовые качества мяса. Эти данные стали основой для создания новых селекционных программ, направленных на улучшение качества продукции [11, 25, 29, 31–33].

Учёные из Канады разрабатывают программы по изучению генетической предрас-

положенности скота к адаптации в различных климатических условиях. Они обнаружили несколько ключевых генов, играющих роль в процессе адаптации организма животного к холоду или жаре [3, 13, 15, 34].

В ходе исследований отечественных ученых было обнаружено, что герефорды на территории России имеют значительные отличия на генетическом уровне по сравнению со своими «собратьями» из Северной Америки. Это объясняется естественным отбором в условиях другого климата и питания, а также давлением инфекционных агентов. Однако, несмотря на эти различия, были выявлены ключевые гены, которые определяют высокую продуктивность этого вида скота: способность быстро набирать массу, высокая мясная продуктивность и адаптивность к трудным климатическим условиям. Именно эти маркеры стали основой для создания новых направлений селекции.

Геномная селекция герефордского скота в России находится на этапе активной разработки и внедрения. Несмотря на то, что методы геномного анализа требуют значительных финансовых затрат и высококвалифицированных специалистов, перспективы этого направления очевидны – это путь к созданию новых линий высокопродуктивных животных, приспособленных к конкретным условиям содержания.

Таким образом, благодаря скоординированным усилиям учёных со всего мира удалось значительно продвинуться в понимании структуры генома герефордского скота. Полученные результаты активно используются при разработке селекционных программ, позволяющих улучшить здоровье животных, их продуктивность и качество получаемой продукции. Отметим, что геномная селекция становится все более важным инструментом в руках современных специалистов по разведению скота.

Современный период развития животноводства характеризуется широким применением технологии имплантации микрочипов животным, позволяющей связывать фенотипические признаки с наличием или отсутствием конкретных маркеров в геноме, ответственных за проявление продуктивных характеристик. Таким образом, создается и дополняется база данных, позволяющая оце-

нить важность каждого из исследуемых маркеров для фенотипа.

Комбинация расшифрованного генома с использованием высокоплотного ДНК-чипа может существенно ускорить выявление новых генетических полиморфизмов, которые повлияют на оценку и прогнозирование племенных и продуктивных качеств сельскохозяйственных животных. К настоящему времени выявлены генетические маркеры, связанные с количественными и качественными показателями мясной продуктивности, такими как вкусовые и качественные показатели говядины, включающие сочность, нежность и мраморность [35–37].

Однако важно отметить, что использование генов-маркеров в селекции требует точного знания о том, какие именно гены и каким образом влияют на интересующие нас черты. Это связано с тем, что большинство признаков являются полигенными – контролируются несколькими генами. Из-за этого одна и та же мутация может иметь различные эффекты в зависимости от других генов и окружающей среды. Гены-маркеры используются для определения потенциала животных по различным параметрам, включая рост, способность набирать мышечную массу и другие характеристики, связанные с производством мяса.

Например, ген IGF2 (инсулиноподобный фактор роста 2) является одним из таких маркеров. Этот ген активно участвует в процессе роста и развития мышц животного. Однако следует отметить, что данный гормон является косвенным показателем количества гормона роста (GH), вырабатываемого организмом. IGF2 и GH – это полипептидные гормоны, то есть небольшие белковые молекулы, которые необходимы для нормального роста и развития костей и тканей организма. Маркерный ген IGF2 производится печенью и скелетными мышцами, а также другими тканями в ответ на их стимуляцию гормоном роста. IGF2 способствует осуществлению многих функций соматотропного гормона, стимулируя рост костей и других тканей [14, 31, 32, 37].

Другой важный ген-маркер – MSTN (миостатин). Его функцией является контроль над ростом мышечных клеток через ингибирование их деления и дифференцировки.

Мутации в этом гене часто приводят к увеличению мышечной массы, что делает его ценным для селекции герефордского скота на мясную продуктивность [6, 25, 34, 38].

Учеными разных уголков мира было доказано, что нежность мяса связана с взаимодействием нескольких различных генов: калпаин-калпастатинового комплекса (CAPN) и кальпастатина (CAST), гормона роста-соматотропина (GH) и гена липидного обмена – лептина (LEP). Также необходимо отметить значимость для мясного скота гена миостатина (MSTN). Большинство исследователей сходятся во мнении, что данные гены-кандидаты являются ключевыми факторами для определения качества мясной продукции [11, 13, 22, 35, 39, 40].

Калпаин-калпастатиновая система (CAPN) играет важную роль в автолизе белков и представляет собой перспективный генетический подход к созданию мяса с нежной текстурой. Ген, кодирующий CAST, находится на хромосоме 7 у крупного рогатого скота. Известны два аллельных варианта этого гена – С и G. Носители генотипа СС имеют более нежное мясо и высокое содержание жира по сравнению с носителями генотипа GG [8, 21, 41–43].

Необходимо отметить, что у специализированных мясных пород крупного рогатого скота выявлена более высокая частота встречаемости аллеля С (62-73%), которые отмечаются высоким качеством мяса, что несколько отличается от пород крупного рогатого скота двойного направления продуктивности (36%) [12, 27], что указывает на то, что полиморфизм по кальпастатину связан с формированием мясной продуктивности у специализированных пород крупного рогатого скота.

Кальпаины, которые являются внутриклеточными кальций-зависимыми цистеин-протеазами, принимают участие в росте и развитии мышц у млекопитающих. Кальпаины – проэнзимы, которые регулируются при связывании кальция и частичном аутопротеолизе. Ген, ответственный за специфический вариант кальпаина для скелетных мышц (CAPN3 или p94), в последние годы активно исследуется. Этот белок играет важную роль в формировании гигантских филаментов, которые необходимы для структуры и роста миофибрилл.

Экспрессия данного гена имеет существенное значение для регенерации мышц. Установлено, что у разных пород овец существуют статистически значимые связи между наличием аллеля А в фрагменте ДНК 11-12 экзонов этого гена и массой при рождении (с доминантным эффектом) [10, 22, 42, 43].

Ген CAPN1 является ключевым регулятором цитолитических реакций после убоя в скелетной мускулатуре крупного рогатого скота. Этот ген определяет скорость разрушения Z-дисков и ослабление связей между мышечными волокнами, что оказывает влияние на нежность мяса и его качественные характеристики. Таким образом, полиморфизм гена CAPN1 может быть использован в качестве маркера для определения веса и высокого качества мясной продукции у крупного рогатого скота [8, 42–45].

Соматотропин (GH) – гормон, вырабатываемый передней долей гипофиза, который является ключевым регулятором роста животных и оказывает влияние на углеводно-жировой обмен. Исследования полиморфизмов в генах-белках соматотропинового каскада могут привести к улучшению количественных характеристик, в том числе увеличению прироста живой массы у крупного рогатого скота. Кроме этого, гены Соматотропного каскада (GH) или гормоны роста представляют большой интерес для увеличения мясной продуктивности крупного рогатого скота. Гены соматотропина были клонированы и используются в практике разведения скота для улучшения его продуктивности. Несмотря на то, что использование данного гормона вызывает противоречивые отзывы из-за возможных негативных последствий для здоровья животных и потребителей продукции, нет сомнений в его значении как биологического маркера при геномной селекции [11, 17, 27, 36, 46–48].

Гены, кодирующие белки гормоны, такие как соматотропный гормон, играют важную роль в системном регулировании организма. Исследования связи полиморфизма соматотропного гормона с различными характеристиками роста живой массы проводились в различных сельскохозяйственных видах животных [19, 42, 43]. Было показано, что носители определенных мутаций в экзонах и интронах этого гена, а также их гаплотипы,

связаны с изменчивостью мясной продуктивности [8, 42, 43].

Также исследователями были обнаружены связи между скоростью роста живого веса и стоимостью корма с генетическим вариантом структурного гена, отвечающего за регуляцию транскрипции соматотропного гормона, Pit-I [17, 47, 48].

Лептин (LEP) – гормон, синтезируемый клетками жировой ткани, играет важную роль в метаболизме, особенно в процессе накопления жира в организме. Этот гормон регулирует энергетический баланс организма путем подавления аппетита. В контексте разведения скота он интересен тем, что его уровень коррелирует с содержанием жира в теле животного. Это делает лептин еще одним ценным инструментом для геномной селекции, направленной на управление уровнем жирности мяса [15, 30].

В мясном скотоводстве полиморфизм генотипа LEP является значимым генетическим фактором, влияющим на выход мясной продукции и ее качество. Кроме того, лептин влияет на продолжительность функционального использования коров и уровень рентабельности производства. Он также регулирует пищевое поведение и оказывает влияние на иммунную систему и репродуктивную функцию. Ген лептина и его многофункциональность изучаются преимущественно в контексте энергообмена у мясного скота, но также рассматривается его связь с молочностью у телок [7, 8, 20, 23]. Ген лептина играет роль в регуляции жирового обмена у млекопитающих [1, 42, 43, 47], представляет собой гормон, синтезируемый в адипоцитах, который играет ключевую роль в регуляции массы тела, жировых отложений и потребления пищи.

В результате указанные гены и их продукты стали объектом многочисленных исследований, служат маркерами хозяйственно-полезных признаков у сельскохозяйственных животных [1, 39, 42, 43].

В исследованиях были рассмотрены различные сайты, на которых наблюдался мононуклеотидный полиморфизм (SNP) в 2-м экзоне этого гена. Результаты показали, что выявленный полиморфизм имеет статистически значимую связь с такими характеристиками, как убойный выход и нежность мяса.

Были выявлены наиболее распространенные гаплотипы в 2-м экзоне лептина у мясных пород – TCAC, CCAT, TTAC. По сравнению с этими гаплотипами гаплотип CСТТ оказывает более существенное влияние на общее количество жира и общую упитанность, а гаплотип ТТТТ – на нежность мяса. Также было выявлено, что полиморфизм в промоторной области лептина связан с общим количеством внутреннего жира [2, 6, 37, 39, 42, 43].

Миостатин – это белок, контролирующий рост мышц. Различия в этом гене приводят к изменениям в физической форме животного. Образуется в мышцах животных, затем выделяется в кровь, оказывая своё действие на мышцы за счёт связывания с рецепторами ACVR2B. Исследования на животных показывают, что блокирование действия миостатина приводит к значительному увеличению сухой мышечной массы с практически полным отсутствием жировой ткани.

В различных исследованиях были рассмотрены мутации генов, которые влияют на развитие мышечной массы и тесно связаны с ее приростом. Особый интерес вызывает мутация миостатина, которая обнаружена у крупного рогатого скота и приводит к феномену «двойной мускулатуры», который наиболее распространен у бельгийской голубой породы. Миостатин является одним из регуляторов развития скелетной мускулатуры и относится к семейству трансформирующих факторов роста (TGFB). Его главная функция заключается в торможении роста мышечной массы. У некоторых пород крупного рогатого скота была обнаружена делеция в 11-м паре нуклеотидов в 3-м экзоне гена миостатина, что приводит к появлению дополнительного стоп-кодона, преждевременному завершению процесса трансляции и образованию неактивной формы белка [31, 38, 41, 43].

Открыта новая мутация, которая получила название nt821(delll), и она связана с развитием мышечной гипертрофии у крупного рогатого скота. Эта гипертрофия основана на увеличенном количестве мышечных волокон. У некоторых мясных пород (например, бельгийская мясная порода и пьемонтезы) частота встречаемости носителей этой мутации в гомо- и гетерозиготном состоянии достигает почти 100%. Кроме того, известны и

другие мутации гена миостатина, такие как делеции, инсерции и точечные мутации, которые также приводят к значительному увеличению мышечной ткани и проявлению двойной мускулатуры [14, 25, 43, 48–51]. Для герефордов такая мутация не характерна, однако знание о её существовании позволяет создать программы по селекции скота, направленные на улучшение мясных качеств без потерь в здоровье и жизнеспособности животных. В этом контексте миостатин является ключевым генетическим маркером.

Для изучения полиморфизма генов-маркеров, связанных с мясной продуктивностью скота, применяется широко распространенный классический метод полимеразной цепной реакции с последующим рестрикционным анализом продуктов амплификации (ПЦР-ПДРФ). Полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ) является стандартной молекулярно-генетической процедурой, которая используется для определения аллельного полиморфизма. При помощи этой процедуры мы можем сделать выводы о наличии или отсутствии точечной SNP мутации, а также о гомозиготности или гетерозиготности исследуемого индивидуума, основываясь на длине образующихся фрагментов (рестрикетов) [30, 32]. Однако для более точного определения действия генотипов необходимо проводить микроструктурный анализ качества мяса.

Исследование и анализ процессов изменения мышечной ткани у скота различных пород представляют большой интерес, поскольку позволяют рассмотреть взаимосвязь между признаками мясной продуктивности и различными факторами [39]. В селекционно-племенной работе для формирования популяций высокопродуктивных стад активно применяется скрининг различных вариантов генов, определяющих хозяйственно-значимые признаки, включая уровень и тип продуктивности [7, 20, 22, 35].

Другим подходом к поиску генов-кандидатов для контроля хозяйственно ценных признаков является исследование генов, продукты которых обладают полиморфизмом и могут критически влиять на проявление отдельных элементарных признаков, формирующих более сложные и хозяйственно ценные характеристики. В мясном ското-

водстве данный подход успешно применяется для сохранения и конструирования генотипов, обладающих высокой вероятностью проявления желательных хозяйственно ценных признаков.

Гены, которые влияют на мясные характеристики, можно разделить на две категории: гены, отвечающие за конкретные признаки, и гены, чьи продукты регулируют системные процессы. Современные молекулярно-генетические исследования сельскохозяйственных видов показывают, что генотипирование с использованием ДНК-маркеров структурных генов может помочь полнее использовать и сохранить генетический потенциал для высокой мясной продуктивности. Важно отметить, что методы ДНК-технологий уже прошли лабораторную стадию разработки и начинают применяться в практической селекционной работе в большом масштабе.

В целом вышеприведенные исследования направлены на разработку новых селекционных форм животных, которые сочетают в себе высокую мясную продуктивность, качество мяса, скороспелость и приспособленность, формируются с использованием современных селекционно-генетических методов. Результаты приведенных исследований свидетельствуют о том, что использование генетических маркеров в полногеномной селекции мясного скотоводства, в сочетании с основополагающими зоотехническими методами и методами морфологического контроля, значительно ускорит процесс создания стад с высоким генетическим потенциалом продуктивности.

При этом основной целью исследований является создание высокопродуктивных стад герефордского скота с помощью генотипирования, определение генетических особенностей животных с целью выбора лучших родителей для разведения. Анализ приведенного обзора позволяет выделить основные пути генотипирования как фактора совершенствования племенных и продуктивных качеств скота:

1. Сбор образцов ДНК: для проведения генотипирования необходимы образцы ДНК от каждого животного из стада. Образцы могут быть получены из крови, волос или других биологических материалов животного.

2. Изоляция ДНК: после сбора образцов необходимо провести процедуру изоляции ДНК. Это позволит получить чистую и высококачественную ДНК для последующего анализа.

3. Генотипирование: главная задача исследования – определение генетического статуса животных породы герефорд. Существует несколько методов генотипирования, таких как полимеразная цепная реакция (ПЦР), микросателлитный анализ (SNP) и секвенирование генома. Каждый метод имеет свои преимущества и недостатки, поэтому выбор метода должен основываться на конкретных целях исследования.

4. Анализ результатов: после проведения генотипирования необходимо проанализировать полученные данные. Важно учесть различия в генах, отвечающих за мясные качества, рост скорости набора веса и адаптацию к климатическим условиям. Также следует учитывать наличие возможных заболеваний или генетических дефектов.

5. Выбор лучших родителей: на основе результатов генотипирования можно определить животных с наилучшими генетическими характеристиками и использовать их

в качестве родителей для разведения новых поколений. Такой подход позволит повысить продуктивность стада и улучшить мясные качества потомства.

Заключение. Селекционно-племенная работа с породой основывается на принципах отбора животных желательного типа и подбора родительских пар. При этом одним из составляющих эффективности селекции служит интервал между поколениями, который обусловлен, наряду с наследственными особенностями, паратипическими факторами. Ускорению темпов селекционно-племенной работы в скотоводстве способствуют современные технологии геномной селекции, дающие возможность проведения косвенного отбора, которые в сочетании с основополагающими зоотехническими и биологическими методами позволяют создавать стада животных желательного типа. Проведение генотипирования при создании высокопродуктивных стад герефордского скота преследует цель выявления генетических особенностей животных, проведение отбора животных и подбора родителей для разведения, что в перспективе даст возможность создания отродья или заводского типа.

Список литературы

1. Глазко В. И., Глазко Г. В. Введение в генетику, биоинформатика, ДНК-технология, геновая терапия, ДНК-экология, протеомика, метаболика. Москва: Курс, 2018.
2. Dunner S., Charlier C., Fanir, F., Brouwers B., Canon J. et al. Mamm. Genome. 1997;8(6):430–435. <https://doi.org/10.1007/s003359900462>.
3. Embrapa Geneplus Program for Senepol Breed (Geneplus Senepol), The Brazilian Senepol Genomic Evaluation – year 2021. Available at: <https://geneplus.com.br/sumario-senepol-2021/>. Fiems, L. O. Animals, 2(3):472–506. <https://doi.org/10.3390/ani2030472>.
4. Басонов О. А., Воробьева Н. В., Шкилев Н. П. Молоко коров черно-пестрой породы отечественной и голландской селекции // Молочная промышленность. 2006. № 8. С. 21.
5. Басонов О. А., Воробьева Н. В., Тайгунов М. Е., Басонова С. С. Молочная продуктивность голштинизированного черно-пестрого скота // Зоотехния. 2010. № 7. С. 15–17. EDN: MSRJUD
6. Casas E., Bennett G.L., Smith T.P., Cundi L.V. J. Anim. Sci. 2004;82(10):2913–2918. <https://doi.org/10.2527/2004.82102913x>.
7. Сравнительная характеристика живой массы и экстерьерных особенностей коров различной линейной принадлежности в племязаводе «Пушкинское» / О. А. Басонов, Н. В. Воробьева, М. Е. Тайгунов, С. С. Басонова // Зоотехния. 2010. № 7. С. 14–15.
8. Оценка ассоциации парных сочетаний полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада BPII-1, BGN, BGHR и BIGF с мясной продуктивностью крупного рогатого скота аулиекольской породы казахстанской селекции / И. С. Бейшова, Е. В. Белая, В. П. Терлецкий, В. В. Траисов, В.И. Кошилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 1(69). С. 160–164. EDN: YSHSCO
9. Бейшова И. С. Полиморфизмы генов соматотропинового каскада, ассоциированные с мясной продуктивностью коров казахской белоголовой породы // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. 2018. № 1. С. 58–62. EDN: UQLCZQ

10. Гладырь Е. А., Державина Г. П., Кунаева Е. К. Методы маркер-зависимой селекции // Животноводство России. 2006. № 3. С. 29–31. EDN: SFLMQH
11. Kolpakov V.I., Dzhulamanov K.M., Gerasimov N.P. The association of polymorphism of bovine growth differentiation factor-5 gene with development of body measurements. FEBS Open Bio. 2019; 9(S1):97.
12. Использование метода ПЦР для генотипирования крупного рогатого скота по гену CAPN1 с использованием генетических маркеров / Д. Б. Косян, Л. Г. Сурундаева, Л. А. Маевская, Е. А. Русакова, О. В. Кван // Вестник Оренбургского государственного университета. 2012. № 6(142). С. 26–30. EDN: PDQVTZ
13. Silva S.L., Tarouco J.U., Ferraz J.B.S., Gomes R.C., Leme P.R. et al. Braz. J. Anim. Sci. 2012; 41(9):2025–2031.
14. Полиморфизм гена соматотропного гормона в связи с качеством туш мясного скота / Т. А. Седых, Р. С. Гизатуллин, И. Ю. Долматова, И. В. Гусев, Л. А. Калашникова // Российская сельскохозяйственная наука. 2020. № 2. С. 53–57. DOI: 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57. EDN: KLUYDL
15. Grobet L., Poncelet D., Royo L.J., Brouwers B., Pirottin C. [et al.]. Mamm. Genome. 1998;9(3):210–213. <https://doi.org/10.1007/s003359900727>.
16. McPherron A.C., Lee S.J. Proc. of PNAS. 1997;94(23):12457–12461. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.23.12457>.
17. Басонов О. А., Павлова О. Е. Динамика молочной продуктивности и долголетия коров в зависимости от кровности по голштинской породе // Зоотехния. 2018. № 11. С. 11–12. EDN: YMCCRN
18. Дмитрик И. И., Христенко С. А. Мясные качества молодняка герефордской породы // Сборник научных трудов Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. 2011. Т. 1. № 4-1. С. 102–104. EDN: OOLWQR
19. Дубовскова М. П. Генотипирование скота герефордской породы по генам GHR, IGF-1 и GDF5 // Животноводство и кормопроизводство. 2022. Т. 105. № 3. С. 46–55. DOI: 10.33284/2658-3135-105-3-47. EDN: MZEQQC
20. Молочная продуктивность первотелок голштинской породы разной селекции. / О. А. Басонов, Н. П. Шкилев, А. О. Басонова, Н. И. Иванова, С. Г. Арутюнян // Зоотехния. 2019. № 10. С. 6–9. DOI: 10.25708/ZT.2019.76.50.002. EDN: VAMCKS
21. Новиков А. А., Семак М. С., Калашникова Л. А. Необходимость совершенствования системы генетической экспертизы племенной продукции в Российской Федерации // Зоотехния. 2021. № 6. С. 2–6. DOI: 10.25708/ZT.2021.17.85.001. EDN: MQDMGM
22. Подбор родительских пар герефордов с учётом антигенного спектра и ДНК маркеров / М. П. Дубовскова, М. И. Селионова, Л. Н. Чиждова, В. И. Колпаков // Вестник мясного скотоводства. 2016. № 4(96). С. 46–53. EDN: XILXSL
23. Басонов О. А., Клипова А. В., Шкилев Н. П. Экстерьерно-конституциональные особенности коров черно-пестрой породы разных генотипов // Зоотехния. 2018. № 11. С. 5–8. EDN: PNOIEB
24. Басонов О. А., Колесникова А. В. Влияние генотипа голштинских быков-производителей различной селекции на продуктивные показатели черно-пестрого скота // Зоотехния. 2016. № 5. С. 2–3. EDN: VWVSYX
25. Menezes G.R.O., Souza C.B., Lima A.L.R. [et al.] Effect of one copy of nt821 mutation in myostatin gene on ultrasound carcass traits in Senepol cattle. Proceedings of the Conference: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 2023. DOI: 10.3920/978-90-8686-940-4_629
26. Allais S., Levéziel H., Payet-Duprat N., Hocquette J.F., Lepetit J. et al. J. Anim. Sci. 2010;88(2):446–454. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2385>.
27. Liu Y., Jiao Y., Zan L., Xin Y., Li L., Tian W. Molecular characterization, polymorphism of growth differentiation factor 5 gene and association with ultrasound measurement traits in native Chinese cattle breeds. African Journal of Biotechnology. 2010;9(33):5269–5273.
28. Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков производителей мясных пород / М. И. Селионова, Л. Н. Чиждова, М. П. Дубовскова, Е. С. Суржилова, Л. В. Кононова, Г. Н. Шарко // Вестник мясного скотоводства. 2017. № 2(98). С. 65–70. EDN: YTOCOB
29. Селионова М. И., Чиждова Л. Н., Суржилова Е. С. Полиморфизм генов мясной продуктивности в селекции крупного рогатого скота // Цифровые технологии в сельском хозяйстве: текущее состояние и перспективы развития: сб. науч. тр. по материалам I Международной научно-практической конференции. 2018. С. 223–229. EDN: YZWMH
30. Глазко Т. Т., Комаров А. Б., Борзаковская Е. В. ДНК-технологии для повышения мясной продуктивности // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2008. № 8. С. 75–80. EDN: ISDLTF

31. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота / М. И. Селионова, Л. Н. Чижова, Г. Т. Бобрышова, Е. С. Суржикова, А. К. Михайленко // Вестник АПК Ставрополя. 2018. № 3(31). С. 44–51. DOI: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51. EDN: YLQXKX
32. Столповский Ю. А., Свищева Г. Р., Пискунов А. К. Геномная селекция. Перспективные направления // Генетика. 2020. Т. 56. № 10. С. 1107–1114. DOI: 10.31857/S0016675820100124. EDN: GOF CNM
33. Curi R.A., Oliveira H.N., Silveira A.C., Lopes C.R. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of IGF1 and GHR on growth and carcass traits in beef cattle. Anim Genet. 2005;36(1):58–62. doi: 10.1111/j.1365-2052.2004.01226.x.
34. Bhati M., Kadri K.N., Crysnanto D., Pausch H. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Original Braunvieh cattle using whole-genome sequencing data. BMC Genomics. 2020 Jan 8;21(1):27. doi: 10.1186/s12864-020-6446-y.
35. Шарипов А. А., Шакиров Ш. К., Юльметьева Л. И., Гафурова Ю. Р. Молекулярно-генетические аспекты селекции мясного скота по мраморности мяса // Вестник мясного скотоводства. 2014. Т. 2(85). С. 59–64. EDN: SF EW EB
36. Колесникова А. В., Басонов О. А. Степень использования генетического потенциала голштинских быков-производителей различной селекции // Зоотехния. 2017. № 1. С. 10–12. EDN: XWVGGV
37. Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации: реалии и перспективы / И. М. Дунин, С. Е. Тяпугин, Р. К. Мещеров, В. П. Ходыков, В. К. Аджибеков, Е. Е. Тяпугин, А. В. Дюльдина // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 2. С. 2–7. DOI: 10.33943/MMS.2020.40.30.001. EDN: TPIWMS
38. Племяшов К. Геномная селекция – будущее животноводства // Животноводство России. 2014. № 5. С. 2–4. EDN: TAZUUZ
39. Эрнст Л. К., Зиновьева Н. А. Биологические проблемы животноводства в XXI веке. Москва, 2008. 508 с. EDN: SF CR WP
40. Логинова Т. П., Басонов О. А. Продуктивность черно-пестрых коров различной селекции // Зоотехния. 2005. № 7. С. 18–20. EDN: JXDGEJ
41. Селионова М. И., Плахтюкова В. Р. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам CAPN1 и GH // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 4. С. 9–13. DOI: 10.33943/MMS.2020.96.35.003. EDN: PSUUWU
42. Дубовскова М. П., Герасимов Н. П. Характеристика генетической структуры стада племенных бычков герефордской породы по полиморфизму генов GH (C. 2141C>G) и TG5 (C. 422C>T) в динамике поколений // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104. № 4. С. 47–56. DOI: 10.33284/2658-3135-104-4-47. EDN: CHOYEQ
43. Tyulebaev S.D., Kadysheva M.D., Kosilov V.I., Gabidulin V.M. The state of polymorphism of genes affecting the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science: International Conference on World Technological Trends in Agribusiness 4-5 July 2020, Omsk City, Western Siberia, Russian Federation, Bristol, England: IOP Publishing. 2021;624:012045.
44. Юлдашбаев Ю. А., Бейшова М. С., Ковальчук А. М. Влияние полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада bGH, bGHR и bIGF-1 на признаки мясной продуктивности у крупного рогатого скота мясного направления казахстанской селекции // Доклады ТСХА: сб. ст. Москва: Изд-во РГАУ-МСХА, 2020. Вып. 292. Ч. IV. С. 613–617. EDN: NSFFAM
45. Aguilar I, Misztal I, Johnson D. L., Legarra A., Tsuruta S. et al. J. Dairy. Sci. 2010;93(2):743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.
46. Басонов О. А., Павлова О. Е. Продолжительность хозяйственного использования коров от уровня их молочной продуктивности // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2017. № 4(40). С. 103–107. DOI: 10.18286/1816-45-2017-4-103-107. EDN: YKHMDC
47. Сравнительная характеристика живой массы и экстерьерных особенностей коров различной линейной принадлежности в племязаводе «Пушкинское» / О. А. Басонов, Н. В. Воробьева, М. Е. Тайгунов, С. С. Басонова // Зоотехния. 2010. № 7. С. 14–15. EDN: MSRJTT
48. Руденко О. В., Комарова Г. Д., Басонов О. А. Руководство по увеличению продуктивного долголетия скота молочного направления продуктивности в условиях Нижегородской области: методические рекомендации. Нижний Новгород, 2015. 47 с. EDN: TULFQD
49. Прахов А. Л., Басонов О. А. Молочная продуктивность и селекционно-генетические параметры чёрно-пёстрых коров отечественной и датской селекций // Аграрная наука. 2005. № 3. С. 22–24. EDN: PKSZGF
50. Руденко О. В., Басонов О. А. Молочная продуктивность голштинизированных чёрно-пёстрых коров как фактор их продуктивного долголетия // Пути продления продуктивной жизни молочных ко-

ров на основе оптимизации разведения, технологий содержания и кормления животных: материалы международной научно-практической конференции. 2015. С. 108–110. EDN: XVRZKX

51. Качество туш мясного скота различных генотипов по гену тиреоглобулина (TG5) / Т. А. Седых, Л. А. Калашникова, Р. С. Гизатуллин, В. И. Косилов // Зоотехния. 2020. № 7. С. 4–8. DOI: 10.25708/ZT.2020.98.58.002. EDN: ETZLQU

References

1. Glazko V.I., Glazko G.V. *Vvedeniye v genetiku, bioinformatika, DNK-tehnologiya, gennaya terapiya, DNK-ekologiya, proteomika, metabolika* [Introduction to genetics, bioinformatics, DNA technology, gene therapy, DNA ecology, proteomics, metabolic]. Moscow: Kurs, 2018. (In Russ.)

2. Dunner S., Charlier C., Fanir, F., Brouwers B., Canon J. et al. *Mamm. Genome*. 1997;8(6):430–435. <https://doi.org/10.1007/s003359900462>.

3. Embrapa Geneplus Program for Senepol Breed (Geneplus Senepol), The Brazilian Senepol Genomic Evaluation – year 2021. Available at: <https://geneplus.com.br/sumario-senepol-2021> / .Fiems, L. O. *Animals*, 2(3):472–506. <https://doi.org/10.3390/ani2030472>.

4. Basonov O.A., Vorobyova N.V., Shkilev N.P. Milk from black-and-white cows of domestic and Dutch selection. *Dairy industry*. 2006;(8):21. (In Russ.)

5. Basonov O.A., Vorobyova N.V., Taigunov M.E., Basonova S.S. Milk productivity of holsteinized black-and-white cows in depends on lactation and linear feature. *Zootekhnika*. 2010;(7):15–17. (In Russ.). EDN: MSRJUD

6. Casas E., Bennett G.L., Smith T.P., Cundi L.V. *J. Anim. Sci.* 2004;82(10):2913–2918. <https://doi.org/10.2527/2004.82102913x>.

7. Basonov O.A., Vorobyova N.V., Taigunov M.E., Basonova S.S.. Comparative characteristics of live weight and exterior features of cows of various linear affiliation in the "Pushkinskoe" breeding farm. *Zootekhnika*. 2010;(7):14–15. (In Russ.)

8. Beishova I.S., Belaya E.V., Terletsky V.P., Traisov V.V., Kosilov V.I. Evaluation of the association of paired combinations of polymorphic variants of the genes of the somatotropin cascade BPIT-1, BGH, BGHR and BIGF with meat productivity of cattle of the Auliekolskaya breed of Kazakh breeding. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2018;1(69):160–164. (In Russ.). EDN: YSHSCO

9. Beishova, I.S. Polymorphisms of the genes of the somatotropin cascade associated with the meat productivity of cows of the Kazakh white-headed breed. *Bulletin Samara state agricultural academy*. 2018;(1):58–62. (In Russ.). EDN: UQLCZQ

10. Gladyr E.A., Derzhavina G.P., Kunaeva E.K. Methods of marker-dependent selection. *Zhivotnovodstvo Rossii*. 2006;(3):29–31. (In Russ.). EDN:SFLMQH

11. Kolpakov V.I., Dzhulamanov K.M., Gerasimov N.P. The association of polymorphism of bovine growth differentiation factor-5 gene with development of body measurements. *FEBS Open Bio*. 2019; 9(S1):97.

12. Kosyan D.B., Surundaeva L.G., Mayevskaya L.A., Rusakova E.A., Kvan O.V. Using the PCR method for genotyping cattle by the CAPN1 gene using genetic markers. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2012;6(142):26–30. (In Russ.). EDN: PDQVTZ

13. Silva S.L., Tarouco J.U., Ferraz J.B.S., Gomes R.C., Leme P.R. et al. *Braz. J. Anim. Sci.* 2012; 41(9):2025–2031.

14. Sedykh T.A. [et al.]. Growth hormone gene polymorphism in relation to beef cattle carcass quality. *Russian agricultural science*. 2020;(2):53–57. (In Russ.). DOI: 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57. EDN: KLUYDL

15. Grobet L., Poncelet D., Royo L.J., Brouwers B., Pirottin C. [et al.]. *Mamm. Genome*. 1998;9(3):210–213. <https://doi.org/10.1007/s003359900727>.

16. McPherron A.C., Lee S.J. *Proc. of PNAS*. 1997;94(23):12457–12461. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.23.12457>.

17. Basonov O.A., Pavlova O.E. Dynamics of dairy productivity and longevity of Holstein dairy cows. *Zootekhnika*. 2018;(11):11–12. (In Russ.). EDN: YMCCRN

18. Dmitrik I.I., Khristenko S.A. Meat qualities of young Hereford breed. *Sbornik nauchnykh trudov Stavropol'skogo nauchno-issledovatel'skogo instituta zhivotnovodstva i kormoproizvodstva* [Collection of scientific papers of the Stavropol Scientific Research Institute of Animal Husbandry and feed production]. 2011;1(4-1):102–104. (In Russ.). EDN: OOLWQR

19. Dubovskova M.P. Genotyping of Hereford cattle by genes GHR, IGF-1 and GDF5. *Animal husbandry and fodder production*. 2022;105(3): C. 46–55. (In Russ.). DOI: 10.33284/2658-3135-105-3-47. EDN: MZEQQC
20. Basonov O.A., Shkilev N.P., Basonova A.O., Ivanova N.I., Harutyunyan S. G. Dairy productivity of Holstein breed cows-heifers of different selection. *Zootechniya*. 2019;(10):6–9. (In Russ.). DOI: 10.25708/ZT.2019.76.50.002. EDN: VAMCKS
21. Novikov, A.A., Semak, M.S., Kalashnikova, L.A. The need to improve the system of genetic expertise of breeding products in the Russian Federation *Zootechniya*. 2021;(6):2–6. (In Russ.). DOI: 10.25708/ZT.2021.17.85.001. EDN: MQDMGM
22. Dubovskova M.P., Selionova M.I., Chizhova L.N., Kolpakov V.I. Selection of parent pairs of herefords taking into account the antigenic spectrum and DNA markers. *Herald of beef cattle breeding*. 2016;4(96):46–53. (In Russ.). EDN: XILXSL
23. Basonov O.A., Klipova A.V., Shkilev N.P. Exterior and constitutional features of black-and-white cows of different genotypes. *Zootechniya*. 2018;(11):5–8. (In Russ.). EDN: PHOIEB
24. Basonov O.A., Kolesnikova A.V. Effect of genotype of Holstein stud bulls of various selection on productive performance of black-and-white cattle. *Zootechniya*. 2016;(5):2-3. (In Russ.). EDN: VWVSYX
25. Menezes G.R.O., Souza C.B., Lima A.L.R. [et al.] Effect of one copy of nt821 mutation in myostatin gene on ultrasound carcass traits in Senepol cattle. Proceedings of the Conference: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 2023. DOI: 10.3920/978-90-8686-940-4_629
26. Allais S., Levéziel H., Payet-Duprat N., Hocquette J.F., Lepetit J. et al. *J. Anim. Sci.* 2010;88(2):446–454. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2385>.
27. Liu Y., Jiao Y., Zan L., Xin Y., Li L., Tian W. Molecular characterization, polymorphism of growth differentiation factor 5 gene and association with ultrasound measurement traits in native Chinese cattle breeds. *African Journal of Biotechnology*. 2010;9(33):5269-5273.
28. Selionova, M.I. [et al.]. Polymorphism peculiarities of growth hormone (GH), calpain (CAPN1) genes of beef sires. *Herald of beef cattle breeding*. 2017;2(98):65–70. (In Russ.). EDN: YTOCOB
29. Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S. Polymorphism of meat productivity genes in cattle breeding. *Tsifrovyye tekhnologii v sel'skom khozyaystve: tekushcheye sostoyaniye i perspektivy razvitiya: sb. nauch. tr. po materialam I Mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii* [Digital technologies in agriculture: current status and development prospects: collection. scientific tr. based on materials from the I International Scientific and Practical Conference] 2018. Pp. 223–229. (In Russ.). EDN: YZWIMH
30. Glazko T.T., Komarov A.B., Borzakovskaya E.V. DNA-technologies for meat productivity increasing. *Izvestiya of Timiryazev agricultural academy*. 2008;(8):75–80. (In Russ.). EDN: ISDLTF
31. Selionova M.I., Chizhova L.N., Bobryshova G.T., Surzhikova E.S., Mikhaylenko A.K. Perspective genetic markers of horned cattle. *Agricultural Bulletin of Stavropol region*. 2018;3(31):44–51. (In Russ.). DOI: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51. EDN: YLQXXKX
32. Stolpovsky Y.A., Svishcheva G.R., Piskunov A.K. Genomic selection. II. Latest trends and future trajectories. *Russian Journal of Genetics* [Genetika]. 2020;56(10):1107–1114. (In Russ.). DOI: 10.31857/S0016675820100124. EDN: GOF CNM
33. Curi R.A., Oliveira H.N., Silveira A.C., Lopes C.R. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of IGF1 and GHR on growth and carcass traits in beef cattle. *Anim Genet*. 2005;36(1):58–62. doi: 10.1111/j.1365-2052.2004.01226.x.
34. Bhati M., Kadri K.N., Crysanto D., Pausch H. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Original Braunvieh cattle using whole-genome sequencing data. *BMC Genomics*. 2020 Jan 8;21(1):27. doi: 10.1186/s12864-020-6446-y.
35. Sharipov A.A., Shakirov Sh.K., Yulmetyeva L.I., Gafurova Yu.R. Molecular genetic aspects of breeding beef cattle by marbling meat. *Herald of beef cattle breeding*. 2014;2(85):59–64. (In Russ.). EDN: SFWEB
36. Kolesnikova A.V., Basonov O.A. The genetic potential of various selection Holstein sires. *Zootechniya*. 2017;(1):10–12. (In Russ.). EDN: XWGGV
37. Dunin I.M. [et al.]. Condition of meat cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. *Dairy and beef cattle farming*. 2020. No. 2. C. 2–7. (In Russ.). DOI: 10.33943/MMS.2020.40.30.001. EDN: TPIWMS
38. Plemyashov K. Genomic selection: the future of livestock production. *Zhivotnovodstvo Rossii*. 2014;(5):2–4. (In Russ.). EDN: TAZUUZ
39. Ernst L.K., Zinovieva N.A. *Biologicheskiye problemy zhivotnovodstva v XXI veke* [Biological problems of livestock farming in the 21st century]. Moscow, 2008. 508 p. (In Russ.). EDN: SFCRWP

40. Loginova T.P., Basonov O.A. Productivity of black-and-white cows different selection. *Zootechniya*. 2005;(7):18–20. (In Russ.). EDN: JXDGEJ
41. Selionova, M.I., Plakhtyukova, V.R. Meat productivity of Kazakh white-headed bulls of different genotypes according to CAPN1 and GH genes. *Dairy and beef cattle farming*. 2020. № 4. С. 9–13. (In Russ.). DOI: 10.33943/MMS.2020.96.35.003. EDN: PSUUWU
42. Dubovskova M.P., Gerasimov N.P. Characteristics of the genetic structure of a herd of breeding Hereford bulls by polymorphism of the genes GH (C. 2141CG) and TG5 (C. - 422CT) in the dynamics of generations. *Animal husbandry and fodder production*. 2021;104(4):47–56. (In Russ.). DOI: 10.33284/2658-3135-104-4-47. EDN: CHOYEQ
43. Tyulebaev S.D., Kadysheva M.D., Kosilov V.I., Gabidulin V.M. The state of polymorphism of genes affecting the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science: International Conference on World Technological Trends in Agribusiness 4-5 July 2020, Omsk City, Western Siberia, Russian Federation, Bristol, England: IOP Publishing. 2021;624:012045.
44. Yuldashbayev Yu.A., Beishova M.S., Kovalchuk A.M. Influence of polymorphic variants of the genes of the somatotropin cascade bGH, bGHR and bigF-1 on signs of meat productivity in cattle of the meat direction of Kazakh breeding. *Doklady TSKHA: sb. st. [Reports of the TSHA: collection. Art.]*. Moscow: Izd-vo RGAU-MSKHA, 2020. Vol. 292. Part IV. Pp. 613–617. (In Russ.). EDN: NSFFAM
45. Aguilar I., Misztal I., Johnson D. L., Legarra A., Tsuruta S. et al. *J. Dairy. Sci.* 2010;93(2):743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.
46. Basonov O.A., Pavlova O.E. Duration of economic use of cows depending on their milk productivity level. *Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy*. 2017;4(40):103–107. DOI: 10.18286/1816-45-2017-4-103-107. EDN: YKHMDC
47. Basonov O.A., Vorobyova N.V., Taigunov M.E., Basonova S.S. Comparative characteristics of live body weight and exterior peculiarities of cows of different lines in herd plant "pushkinskoe". *Zootechniya*. 2010;(7):14-15. (In Russ.). EDN: MSRJTT
48. Rudenko O.V., Komarova G.D., Basonov O.A. *Rukovodstvo po uvelicheniyu produktivnogo dolgoletiya skota molochnogo napravleniya produktivnosti v usloviyakh Nizhegorodskoy oblasti. Metodicheskiye rekomendatsii [A guide to boosting the productive longevity of dairy cattle productivity in the Nizhny Novgorod region. Methodological recommendations]*. Nizhny Novgorod, 2015. 47 p. EDN: TULFQD
49. Prakhov A.L., Basonov O.A. Milk productivity and selection-genetic parameters of black-spotted cows of the local and Danish selection. *Agrarian Science*. 2005;(3):22–24. EDN: PKSZGF
50. Rudenko O.V., Basonov O.A. Milk yield of holsteinized black and white cows as factor for their productive longevity. *Puti prodleniya produktivnoy zhizni molochnykh korov na osnove optimizatsii razvedeniya, tekhnologii soderzhaniya i kormleniya zhivotnykh: materialy mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii [Ways to extend the productive life of dairy cows based on optimization of breeding, technologies for keeping and feeding animals: materials of the international scientific and practical conference]*. 2015. Pp. 108–110. EDN: XVRZKX
51. Sedykh T.A., Kalashnikova L.A., Gizatullin R.S., Kosilov V.I. The quality of carcasses of beef cattle of various genotypes according to the thyroglobulin (TG5) gene. *Zootechniya*. 2020;(7):4–8. DOI: 10.25708/ZT.2020.98.58.002. EDN: ETZLQU

Сведения об авторах

Басонов Орест Антипович – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, зав. кафедрой частной зоотехнии и разведения сельскохозяйственных животных, проректор по научной и инновационной работе, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Нижегородский государственный агротехнологический университет», SPIN-код: 7355-6560

Гиноян Рубен Варданович – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, зав. кафедрой товароведения и переработки продукции животноводства, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Нижегородский государственный агротехнологический университет», SPIN-код: 5660-9030

Козминская Алиса Сергеевна – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры частной зоотехнии и разведения сельскохозяйственных животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Нижегородский государственный агротехнологический университет», SPIN-код: 7572-6289

Асадчий Артем Александрович – кандидат сельскохозяйственных наук, старший преподаватель кафедры частной зоотехнии и разведения сельскохозяйственных животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Нижегородский государственный агротехнологический университет», SPIN-код: 8295-7161

Information about the authors

Orest A. Basonov – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Head of the Department "Private Animal Science and Breeding of Agricultural Sciences", Vice-Rector for Scientific and Innovative Work, Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, SPIN-code: 7355-6560

Ruben V. Ginoyan – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Head of the Department "Commodity Science and Processing of livestock Products", Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, SPIN-code: 5660-9030

Alisa S. Kozminskaya – Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor of the Department of Private Animal Science and Breeding of Farm Animals, Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, SPIN-code: 7572-6289

Artem A. Asadchy – Candidate of Agricultural Sciences, Senior Lecturer at the Department of Private Animal Science and Breeding of Farm Animals, Nizhny Novgorod State Agrotechnological University, SPIN-code: 8295-7161

Авторский вклад. Все авторы настоящего исследования 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 of this research paper have directly participated in the planning, execution, or analysis of this study. All authors of this paper have read and approved the final version submitted.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

*Статья поступила в редакцию 24.11.2023;
одобрена после рецензирования 06.12.2023;
принята к публикации 14.12.2023.*

*The article was submitted 24.11.2023;
approved after reviewing 06.12.2023;
accepted for publication 14.12.2023.*