

doi:10.18286/1816-4501-2023-4-204-209

УДК 636.222.082.12

Результаты скрининга выборки стада герефордского скота ООО «Кашин луг» по чипу Illumina Bovine SNP50v3

С. А. Мирошников, доктор биологических наук, профессор

С. Д. Тюлебаев✉, доктор сельскохозяйственных наук, профессор

М. И. Соловьёв, специалист

ФГБНУ «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук»
460000, г Оренбург, ул. 9 Января, 29,

✉ s-tyulebaev@mail.ru

Резюме. В статье представлены материалы результатов генотипирования выборки стада герефордской породы, принадлежащей ООО «КАШИН ЛУГ» Тверской области на основе использования чипа Illumina Bovine SNP50v3. Целью исследования являлось предварительное определение генетического статуса локального стада, с выявлением SNP-полиморфизмов генов, ассоциированных с хозяйственно-полезными качествами и носительством генетических заболеваний. Скрининг по вышеназванному чипу произведён в генетическом центре ООО «Мираторг-Генетика» по стандартному для чипа регламенту. Исследования показали нейтральность по мутациям в генах по некоторым хозяйственно полезным признакам, например, на комолость по гену POLLED (генотип TT) и тесты на отсутствие двойной мускулатуры по гену Muscular hypertrophy (MSTN – миостатин). В то же время по генам семейства STAT, играющих роль в передаче информации цитокин-рецептор и чувствительных к фертильности маточного поголовья определено, что все животные по данному семейству генов в той или иной мере защищены уровнем гомо- и гетерозигот желательного генотипа. По гену Stat3¹⁹⁰⁶⁹ приведены частоты встречаемости генотипа и аллелей. Отмечены отдельные индивиды, имеющие нежелательные полиморфизмы генов, ассоциированных с генетическими заболеваниями, например, такими как Haemophilia A (гемофилия), Syndactyly (mule foot) – синдактилизм. Полученные результаты отражают популяционную характеристику стада хозяйства по данным генам, а позже пополнят референсную базу данных герефордской породы и послужат материалом для эффективной геномной оценки племенной ценности конкретных животных.

Ключевые слова: герефорды, ген, полиморфизм, кастомизированный чип, хозяйственно-полезные качества, генетические заболевания.

Для цитирования: Мирошников С. А., Тюлебаев С. Д., Соловьёв М. И. Результаты скрининга выборки стада герефордского скота ООО «Кашин луг» по чипу Illumina Bovine SNP50v3 // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2023. № 4 (64). 204-209 С. doi:10.18286/1816-4501-2023-4-204-209

Screening selection results of hereford cattle herd of ooo kashin lug using illumina bovine SNP50v3 chip

S. A. Miroshnikov, S. D. Tyulebaev✉, M. I. Solovyov

Federal Scientific Center of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences
460000, Orenburg, 9 January st., 29,

✉ s-tyulebaev@mail.ru

Abstract. The article presents results of selection genotyping of Hereford breed herd owned by OOO KASHIN LUG of Tver Region, with application of Illumina Bovine SNP50v3 chip. The aim of the study was preliminary specification of the genetic status of the local herd, with identification of SNP polymorphisms of genes associated with economically useful qualities and the carriership of genetic diseases. Screening for the above-mentioned chip was carried out at the genetic center of OOO Miratorg-Genetics according to the standard regulations for the chip. Studies have shown neutrality in gene mutations for some economically useful traits, for example, polledness for the POLLED gene (TT genotype) and tests for the absence of double muscles for the Muscular hypertrophy gene (MSTN - myostatin). At the same time, it was determined that all animals in this gene family are to a certain extent protected by the level of homo- and heterozygotes of the desired genotype, based on the genes of the STAT family, which play a role in transmission of cytokine-receptor information and are sensitive to fertility of the breeding stock. Stat3¹⁹⁰⁶⁹ gene occurrence frequency of the genotype and alleles were given. Individuals were noted that have undesirable polymorphisms of genes associated with genetic diseases, for example, Haemophilia A (hemophilia), Syndactyly (mule foot) - syndactylism. The obtained results reflect population characteristics of the farm herd based on these genes, and will later supplement the reference database of the Hereford breed and serve as material for effective genomic assessment of the breeding value of specific animals.

Keywords: Herefords, gene, polymorphism, customized chip, economically useful qualities, genetic diseases.

For citation: Miroshnikov S. A., Tyulebaev S. D., Solovyov M. I. Screening selection results of hereford cattle herd of ooo kashin lug using illumina bovine SNP50v3 chip // Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy. 2023;4(64): 204-209 doi:10.18286/1816-4501-2023-4-204-209.

**Исследования выполнены в соответствии с планом НИР на 2021–2023 гг.
ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (FNWZ-2021-0001)**

Введение

Одним из главных факторов увеличения мясной продуктивности, устойчивости экономической эффективности мясного скотоводства в зоне является генетическое совершенствование мясных пород в совокупности с укреплением иммунной системы животных, устойчивости к условиям внешней среды [1, 2, 3].

После расшифровки генома крупного рогатого скота совершенствование пород стало возможным не только посредством отбора и подбора животных, но и путём использования генных технологий [4, 5]. Всё чаще маркерная селекция становится прогрессивной программой генетического усовершенствования животных. Она содержит в себе использование информации о результатах тестирования маркерных генов – селекционно значимых локусов количественных признаков, поэтому она наиболее оправдана в дополнение к традиционной селекции. Особенно значимыми, в плане обнаружения ассоциации признаков у животных, становятся различия в SNP-полиморфизме [6,7].

Улучшение генетического потенциала сельскохозяйственных животных посредством инновационных генных технологий становится приоритетом современных селекционных программ. В то же время селекция мясного скота, вызванная желанием получения высокопродуктивных животных, неминуемо ведёт и к распространению нежелательных аллелей генов. К сожалению, искусственный отбор с целью получения таких полезных свойств, как развитость мускулатуры, высокая молочность, низкая масса телёнка при рождении ведёт и к увеличению доли носителей аутосомно-рецессивных заболеваний. Проведённые в мире и продолжающиеся полногеномные исследования с использованием технологии GWAS позволяют уже сейчас использовать выявленные ассоциации генов с признаками продуктивности при отборе животных в селекции, с учётом идентифицированных животных-носителей определённых генетических расстройств для исключения их из селекционного процесса. Тем более появились панели тестов, собранных однонуклеотидных полиморфизмов с выявленными ассоциациями с хозяйственно - полезными признаками и генетическими заболеваниями, которые используются для генотипирования [8-10].

Цель исследований – предварительное определение генетического статуса локального стада герфордской породы на основе исследования выборки молодняка из этого стада с использованием

чипа Illumina Bovine SNP50v3, с выявлением SNP-полиморфизмов генов, ассоциированных с хозяйственно - полезными качествами и носительством генетических заболеваний.

Материалы и методы

Объектом исследования являлся молодняк герфордской породы, принадлежащий ООО «КАШИН ЛУГ» Кашинского района Тверской области.

Схема эксперимента: в среде 12- месячных бычков, предполагаемых для ремонта стада, методом случайной выборки было отобрано 12 голов, у которых были взяты пробы цельной крови под корнем хвоста в пробирки К2ЕДТА со стабилизатором (Китай). Исследования проводились на основе соблюдения нормативных актов, используемых в сегодняшнем законодательстве РФ: (1987 г.; Приказ Минздрава СССР No 755 от 12.08.1977 «О мерах по дальнейшему совершенствованию организационных форм работы с использованием экспериментальных животных») и «Guide for the Care and Use of Laboratory Animals» (National Academy Press, Washington, D.C., 1996). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных.

Оборудование и технические средства: пробы крови были доставлены в генетический центр ООО «Мираторг-Генетика» (г. Москва, Сколково). ДНК выделяли на наборах Qiagen (США). Выделение ДНК осуществлялось согласно инструкции на автоматической роботизированной станции, для каждого образца проводилось измерение концентрации и чистоты. Гарантия условий показателей: концентрация – не ниже 50 нг/мкл; чистота (A260/280) – не ниже 1,7; выход – не менее 2 мкг. Для генотипирования было задействовано оборудование центра по использованию технического регламента на стандартный чип средней плотности Illumina Bovine SNP50v3 в соответствии с ISAG и ICAR). ISAG (International Society for Animal Genetics) – Международное общество генетики животных; ICAR (International Committee for Animal Recording) - Международный комитет по учёту животных. который представляет собой панель с 56 SNP – маркерами аутосомных генетических заболеваний крупного рогатого скота и нескольких хозяйственно значимых признаков.

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле:

$$p = n/N,$$

где p – частота генотипа, n – количество особей, имеющих определённый генотип, N – число особей.

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных (сельскохозяйственные науки)

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле:

$$P_A = (2nAA + nAB) \div 2N,$$

$$q_B = (2nBB + nAB) \div 2N,$$

где P_A – частота аллеля А, q_B – частота аллеля В, N – общее число аллелей.

По закону Харди-Вайнберга рассчитывали ожидаемые частоты генотипов в исследуемой популяции.

Для обработки материала использовалась программа: Excel 19 (Microsoft, США).

Результаты

Согласно полученным данным проведённого генотипирования ДНК молодняка герефордской породы крупного рогатого скота ООО «КАШИН ЛУГ» по протоколу стандартного чипа Illumina Bovine SNP50v3 выявлено, что в массиве включённых в чип SNP-полиморфизмов по большинству генетических заболеваний тесты показали отрицательный результат, то есть генотипы животных содержали пару нейтральных (без мутации) аллелей (табл. 1).

В таблице 1 не показаны тесты по некоторым хозяйственно-полезным признакам, по которым выявлена нейтральность по мутациям, например, на комолость по гену POLLED (по одному из положений, генотип ТТ) и тесты на отсутствие двойной мускулатуры по гену Muscular hypertrophy (MSTN – миостатин) в трёх положениях: 6213980 (СС), 6216138 (GG), 6213889 (AA). Все три положения предполагают гомозиготность по нейтральным аллелям. По другим ассоциативным генам, имеющим отношение к хозяйственно-полезным признакам

в выборке животных, следует отметить гены семейства STAT, влияющих на экспрессию специфических белков с тем же названием, которые играют роль в передаче информации цитокин-рецептор и чувствительны к фертильности маточного поголовья. Все гены этого семейства в той или иной степени влияют на фертильность, но при этом ген Stat3 стоит особняком, и его нейтральный гомозиготный генотип AA в наибольшей степени приводит к эмбриональной летальности. Все животные по данному семейству генов в той или иной мере защищены уровнем гомо- и гетерозигот желательного генотипа. Так, по гену Stat3 в положении 19069 – 33,3 % животных имели желательный гетерозиготный генотип GA и 16,7 % – желательный гомозиготный генотип GG (табл. 2). В целом, частота желательного аллеля G составила по выборке генотипированного стада – 1/3 часть всех аллелей.

Этот же ген в положении 25402 проявился в выборке 41,7 % желательного гетерозиготного генотипа CA и таким же числом желательного гомозиготного генотипа AA. По гену Stat5, состоящих в трёх положениях и также влияющих на эмбриональную летальность, как и предыдущий ген, кроме того, имеющий отношение к увеличению процента неоплодотворённых яйцеклеток, 58,3 % бычков выборки защищены благоприятными гетерозиготными и гомозиготными генотипами. В то же время в изучаемой выборке бычков герефордской породы выявлены носители мутационных аллелей некоторых генов, вызывающих аутосомные заболевания. Это Haemophilia A (гемофилия) ген F8 также называется

Таблица 1. Предварительные результаты генотипирования бычков по протоколу стандартного чипа Illumina Bovine SNP50v3

Баркод	№ отца	Haemophilia A	Mulefoot/Syndactyly			Syndactyly (mule foot) 7767 5440	STAT3 - 1906 9	STAT3 - 2540 2	STAT5 A_13 244	STAT5A_13 319	STAT5A_1351 6
			776 996 23	776 754 50	776 671 35						
BMS1800000156	0820	AA						AA			
BMS1800000157	0807			GA		CA		AA			
BMS1800000158	12116		GA		GA		GA	CA	GG	CC	
BMS1800000159	3001333							AA			
BMS1800000160	3001333						GA	CA	GG	CC	
BMS1800000161	0807							AA			
BMS1800000162	3001333						GA	CA	GA	CA	
BMS1800000163	3001333							CA	GA	CA	
BMS1800000164	40806		GA		GA			AA			
BMS1800000165	40806		GA		GA		GA	CA	GA	CA	
BMS1800000166	3001333						GG		GG	CC	
BMS1800000167	0807						GG			CC	

Таблица 2. Частота встречаемости генотипов и аллелей гена Stat3¹⁹⁰⁶⁹ в выборке популяции герефордов стада ООО «КАШИН ЛУГ»

Частота	n	AA		GA*		GG*	
		n	%	n	%	n	%
Частота встречаемости генотипа, %	12	6	50,0	4	33,3	2	16,7
		A			G*		
Частота аллелей	12	666,5			333,5		

* – желательные генотипы и аллели

дефицитом фактора VIII. Нарушение свертываемости крови с последующей сильной тенденцией к кровотечению. К этому приводит нуклеотидная замена в ДНК аллеля Т на А, приводящая к аминокислотной замене в соответствующем кодируемом белке лейцина на гистидин. В исследуемой группе обнаружен один носитель гомозиготного нежелательного генотипа АА, это составляет 8,3 % животных выборки. Такую же долю животных выборки составляют носители гетерозиготного генотипа СА одного из положений гена *Syndactyly* (mule foot). Остальные 3 позиции данного гена *LRP4* занимают 33,3 % всех животных выборки. Синдактилизм крупного рогатого скота является наследственным заболеванием, также известным как болезнь мулефуттов. Этот порок развития имеет аутосомно-рецессивный характер и в каждом случае происходит по-разному. Это связано с неполной пенетрантностью и изменчивой экспрессией кодируемого белка. Это генетическое расстройство представляет собой неразделение или слияние путовых костей, и оно в основном проявляется как синостоз фаланг и в конечном счёте ведёт к нерациональности содержания такого животного.

В целом, предварительно характеризуя герефордское стадо ООО «КАШИН ЛУГ» по исследуемой выборке, следует сказать, что 8,3 % животных стада могут иметь гомозиготный нежелательный генотип по гемофилии и 16,6 % - гетерозиготный генотип по синдактилизму, который может проявиться у животных. При этом по семейству генов *STAT*, имеющих отношение к фертильности маточного поголовья, животные в той или иной мере защищены уровнем гомо- и гетерозигот желательного генотипа.

Обсуждение

О существовании и поиске новых молекулярно-генетических маркеров, связанных с хозяйственно значимыми признаками и генетическими заболеваниями, заявлено после расшифровки генома человека и с/х животных, особенно однонуклеотидных полиморфизмов [11-13]. В России также получили реализацию проекты создания чипов со множеством однонуклеотидных полиморфизмов [14,15]. Однако, готового российского чипа пока не создано. Тем не менее понятно, что необходимым условием реализации эффективной селекционной программы является создание объемной референсной базы SNP – полиморфизмов по всем породам крупного рогатого скота, разводимым в условиях РФ. Один из таких чипов мы протестировали в своём

эксперименте на выборке животных герефордской породы стада ООО «КАШИН ЛУГ». Нами выявлены полиморфизмы генов, характерные для данной выборки животных стада герефордской породы, обусловленной структурным содержанием чипа *Illumina Bovine SNP50v3*. Полученные результаты в некоторой степени отражают популяционную характеристику стада хозяйства по данным генам. Аналогичные исследования, проведённые другими авторами, характеризуют конкретную выборку и могут значительно различаться в зависимости от породы и степени родства животных [16,17]. В нашем случае из 56 позиций по заболеваниям и хозяйственно-значимым признакам, ассоциированными с изучаемыми генами, включёнными в чип, лишь по 10 определены значимые гомо- и гетерозиготы, при этом лишь у одного животного выявлен гомозиготный генотип АА (гемофилия), указывающий на высокую степень возможности проявления заболевания. Для повышения степени репрезентативности выборки число генотипированных животных в следующих исследованиях следовало быкратно увеличить. Но при любом раскладе полученные данные пополнят референсную базу данных герефордской породы и вкупе с достоверной оценкой фенотипов генотипированных животных, помноженной на выбор оптимальной математической модели, послужат результатом эффективной геномной оценки племенной ценности конкретных животных, о которой в своих работах отмечали [18,19].

Заключение

Таким образом, использование стандартного чипа *Illumina Bovine SNP50v3* на выборке животных позволило нам дать предварительную генетическую характеристику стада герефордской породы ООО «КАШИН ЛУГ» и выявить некоторые генетические особенности бычков, детерминирующие хозяйственно-ценные качества и возможные аутосомно-рецессивные заболевания с целью использования данной информации в селекционно-племенной работе со стадом племрепродуктора ООО «КАШИН ЛУГ» Тверской области. Практическое использование состоит в ограничении интродукции мутантных генов в популяцию путём разумной браковки носителей. Научно обоснованное сочетание геномных и традиционных селекционных методов становится необходимым условием для реализации новой селекционной стратегии, стоящей перед животноводством.

Литература

1. Особенности роста и развития молодняка специализированных мясных пород в условиях Якутии / Алексеева Н. М., Романова В. В., Борисова П. П. // Сельское хозяйство. 2018. № 3. С. 35 – 41. -doi: 10.7256/2453-8809.2018.3.27941.
2. Габидулин, В. М. Современные методы эффективного использования генофонда абердин-ангусского скота австралийской селекции с использованием ДНК-маркеров / В. М. Габидулин, С. А. Алимова, С. Д. Тюлебаев // Вестник Курганской ГСХА. - 2017. - № 2(22). - С. 28-30.

3. Толочка В. В. Косилов, В. И., Гармаев Д. Ц. Влияние генотипа бычков мясных пород на интенсивность роста // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 5(91). С. 201-206. doi:10.37670/2073-0853-2021-91-5-201-206.
4. The use of whole genome amplification for genomic evaluation of bovine embryos / K. S. Pantiukh, I. V. Rukin, S. M. Portnov et al. // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2019. Т. 23. № 4. P. 489-495. - doi: 10.18699/VJ19.518.
5. Племенная работа с симменталами брединского мясного типа в ООО "Боровое" Челябинской области / М. Д. Кадышева, С. Д. Тюлебаев, С. Г. Генов и др. // Зоотехния. 2015. № 1. С. 10-12.
6. Association of ghr polymorphisms with milk production in buffaloes / S. M. El-Komy et al. // Animals. 2020. Т. 10, № 7. P. 1203. doi: 10.3390/ani10071203.
7. Single nucleotide polymorphisms in the bovine SLC2A12 and SLC5A1 glucose transporter genes—the effect on gene expression and milk traits of Holstein Friesian cows / L. Zwierzchowski et al. // Animal Biotechnology. 2021. P. 1-11. doi.org/10.1080/10495398.2021.1954934.
8. Single-step genomic evaluations from theory to practice: using SNP chips and sequence data in BLUPF90 / D. Lourenco et al. // Genes. 2020. Т. 11/ № 7. P. 790. - doi.org/10.3390/genes11070790.
9. Experience from large scale use of the EuroGenomics custom SNP chip in cattle / D. Boichard et al. // 11. World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. 2018. P 25-29.
10. Genetic Technologies and Their Use in Animal Husbandry / L. Efimova et al. // International Scientific Conference Fundamental and Applied Scientific Research in the Development of Agriculture in the Far East. Springer, Cham, 2021. P. 467-475. doi: 10.1007/978-3-030-91405-9_51.
11. Столповский Ю. А., Пискунов А. К., Свищева Г. Р. Геномная селекция. 1. Последние тенденции и возможные пути развития // Генетика. 2020. Т. 56. № 9. С. 1006-1017. doi : 10.31857/S0016675820090143.
12. Можаяев Е. Е, Шафиров В. Г., Сердюк Н. С. Использование геномной селекции для повышения экономической эффективности молочного скотоводства / Е. Е. Можаяев, // Зоотехния.и 2020. № 3. С. 2-5. doi: 10.25708/ZT.2020.63.10.001.
13. Геномная селекция как основа племенной работы: обзор / А. Е. Калашников, А. И. Голубков, В. Г. Труфанов и др. // Вестник КрасГАУ. 2021. - № 7 (172). С. 163-170. doi: 10.36718/1819-4036-2021-7-163-170.
14. Зиновьева Н. А. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота : мини обзор // Сельскохозяйственная биология. 2019. Т. 54. № 4. С. 631-641. doi: 10.15389/agrobiology.2019.4.631rus.
15. Aiello D., Patel K., Lasagna E. The myostatin gene: an overview of mechanisms of action and its relevance to livestock animals // Anim Genet. 2018. № 49. P. 505-519. doi.org/10.1111/age.12696.
16. Зиновьева, Н. А., Полябин, Р. Ю. Чинаров Вспомогательные репродуктивные технологии: история становления и роль в развитии генетических технологий в скотоводстве: обзор // Сельскохозяйственная биология. 2020. Т. 55. № 2. -С. 225-242. doi: 10.15389/agrobiology.2020.2.225rus.
17. The use of whole genome amplification for genomic evaluation of bovine embryos / K. S. Pantiukh, I. V. Rukin, S. M. Portnov et al. // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2019. Т. 23. № 4. P. 489-495. doi: 10.18699/VJ19.518.
18. Шарко Ф. С., Хатиб А., Прохорчук Е. Б. Геномная оценка племенной ценности молочных коров чернопестрой породы по совокупности признаков молочной продуктивности и признаков фертильности // Acta Naturae (русскоязычная версия). 2022. № 1. С. 109-122. doi : 10.32607/actanaturae.11648.
19. Adylova A. T., Norbekov G. K., Khurshut E. E. SSR analysis of the genomic dna of perspective uzbek hexaploid winter wheat varieties // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2018. Т. 22, № 6. P. 634-639. doi: 10.18699/VJ18.404.

References

1. Alekseeva N. M., Romanova V. V, Borisova P. P. Features of growth and development of young animals of specialized meat breeds in the conditions of Yakutia // Agriculture. 2018. № 3. P. 35 - 41. doi: 10.7256/2453-8809.2018.3.27941.
2. Gabidulin V. M., Alimova S. A., Tyulebaev S. D. Modern methods of effective usage of the gene pool of Aberdeen-Angus cattle of Australian selection using DNA markers // Vestnik of Kurgan State Agricultural Academy. 2017. № 2 (22). P. 28-30.
3. Tolochka V. V., Kosilov V. I., Garmaev D. Ts. The influence of the genotype of beef bull calves on growth rate // Izvestiya of Orenburg State Agrarian University. 2021. № 5 (91). P. 201-206. doi:10.37670/2073-0853-2021-91-5-201-206.
4. The use of whole genome amplification for genomic evaluation of bovine embryos. Pantiukh K.S., Rukin I.V., Portnov S.M. et.al. // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2019. Т. 23. № 4. P. 489-495. doi: 10.18699/VJ19.518.
5. Breeding work with Simmentals of Bredinsky meat type in ООО Borovoye, Chelyabinsk region / M. D. Kadysheva, S. D. Tyulebaev, S. G. Genov et al. // Zootechnics. 2015. № 1. P. 10-12.
6. Association of ghr polymorphisms with milk production in buffaloes/ El-Komy S. M. et al. // Animals. 2020. V. 10. № 7. P. 1203. doi: 10.3390/ani10071203.

7. Single nucleotide polymorphisms in the bovine SLC2A12 and SLC5A1 glucose transporter genes—the effect on gene expression and milk traits of Holstein Friesian cows / Zwierzchowski L. et al. // *Animal Biotechnology*. 2021. P. 1-11. doi.org/10.1080/10495398.2021.1954934.
8. Single-step genomic evaluations from theory to practice: using SNP chips and sequence data in BLUPF90 Lourenco D. et al. // *Genes*. 2020. Vol. 11. № 7. P. 790. doi.org/10.3390/genes11070790.
9. Experience from large scale use of the EuroGenomics custom SNP chip in cattle Boichard D. et al. // 11. World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. 2018. P. 25-29.
10. Genetic Technologies and Their Use in Animal Husbandry / Efimova L. et al // International Scientific Conference Fundamental and Applied Scientific Research in the Development of Agriculture in the Far East. Springer. Cham. 2021. P. 467-475. doi: 10.1007/978-3-030-91405-9_51.
11. Stolpovsky Yu. A., Piskunov A. K., Svishcheva G. R. Genomic selection. 1. Latest trends and possible development paths // *Genetics*. 2020. Vol. 56, № 9. P. 1006-1017. doi: 10.31857/S0016675820090143.
12. Mozhaev E. E., Shafirov V. G., Serdyuk N. S. Genomic selection usage for improvement of economic efficiency of dairy cattle breeding // *Zootchnics*. 2020. № 3. P. 2-5. doi: 10.25708/ZT.2020.63.10.001.
13. Genomic selection as the basis of breeding work (Review). / A. E. Kalashnikov, A. I. Golubkov, V. G. Trufanov \et al. // *Vestnik of KrasSAU*. 2021. № 7 (172). P. 163-170. doi: 10.36718/1819-4036-2021-7-163-170.
14. Zinovieva N. A. Animal genetic resources: development of studies of the allele pool of Russian cattle breeds - mini-review // *Agricultural biology*. 2019. Vol. 54. № 4. P. 631-641. doi: 10.15389/agrobiology.2019.4.631rus.
15. Aiello, D., Patel, K. and Lasagna, E. (2018), The myostatin gene: an overview of mechanisms of action and its relevance to livestock animals. *Anim Genet*, 49: 505–519. doi.org/10.1111/age.12696.
16. Zinovieva N. A., Pozyabin S. V., Chinarov R. Yu. Assisted reproductive technologies: history of formation and the role in development of genetic technologies in cattle breeding (review) // *Agricultural biology*. 2020. Vol. 55. № 2. P. 225-242. doi: 10.15389/agrobiology.2020.2.225rus.
17. The use of whole genome amplification for genomic evaluation of bovine embryos. Pantukh K. S., Rukin I. V., Portnov S. M. et.al. // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2019. Vol. 23. № 4. P. 489-495. doi: 10.18699/VJ19.518.
18. Sharko F. S., Khatib A., Prokhorchuk E. B. Genomic assessment of the breeding value of black-and-white dairy cows based on a combination of milk production and fertility traits // *Acta Naturae (Russian version)*. 2022. № 1. P. 109-122. doi: 10.32607/actanaturae.11648.
19. Adylova A. T., Norbekov G. K., Khurshut E. E. SSR analysis of the genomic dna of perspective uzbek hexaploid winter wheat varieties // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018. Vol. 22. № 6. P. 634-639. doi: 10.18699/VJ18.404.