

Характеристика и мониторинг генетической структуры стада бурой швицкой породы

М. Е. Гонтов, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, ведущий научный сотрудник лаборатории зоотехнологий

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр лубяных культур»

170041 г. Тверь, Комсомольский пр., 17/56

✉ info@fncl.ru ,

Резюме. На повышение генетического потенциала молочной продуктивности крупного рогатого скота направлены современные методы селекции с использованием достижений иммуногенетики, молекулярной генетики. Цель исследований состояла в изучении и мониторинге генетической структуры крупного рогатого скота стада бурой швицкой породы Смоленской области с использованием маркерных генов групп крови. Исследования проводили на животных бурой швицкой породы ($n=1367$) по общепринятым методам иммуногенетики. Для характеристики генетической структуры использовали EAB – локус. Молочную продуктивность животных брали из базы данных «Селэкс». Установлена генетическая структура стада племрепродуктора, проведен иммуногенетический мониторинг. Коэффициент генетического сходства между животными стада в 2017 и 2022 гг составил 83 %, с породой 90 %. В структуре аллелофонда возросло на 18,4 % до 40,4 % количество животных стада с маркером G3O1T1Y2E`3F`2G2``, так как 60 % от всех используемых быков-производителей являлись носителями указанного аллеля. На 8,8 % возрос уровень гомозиготности стада ($Caj = 19,5$ %). Доля генов, унаследованных от пород, участвовавших в совершенствовании бурой швицкой породы, составляет: 68,6 % – бурая швицкая американской селекции; 20,3 % – отечественные швицы; 5,1 % – джерсейская. Удой на корову за 2022 г. составил по стаду 7567 кг молока – на 2191 кг больше, чем в 2017 г. Перволетки, в генотипах которых имелись EAB – аллели G3O1T1Y2E`3F`2 I`, B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y`, B1P1Y2G`Y`, O2A`2J`2K`O`, Y2A` превышали средние показатели аналогов стада – по удою на 268...1564 кг молока, выходу молочного жира – на 20,0...75,6 кг, выходу молочного белка – на 15,4...40 кг. Полученные результаты исследований могут быть использованы при дальнейшей селекции стада на повышение молочной продуктивности коров.

Ключевые слова: бурая швицкая порода, генетическая структура, аллели, генетический маркер, молочная продуктивность

Для цитирования: Гонтов М. Е. Характеристика и мониторинг генетической структуры стада бурой швицкой породы // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2024. № 1. (65). С. 156-162. doi:10.18286/1816-4501-2024-1-156-162

Characteristics and monitoring of the genetic structure of the brown swiss herd

M. E. Gontov

Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Scientific Center of Bast Crops"

170041 Tver, Komsomolsky Ave., 17/56 ✉ info@fncl.ru,

Abstract. Modern selection methods using the achievements of immunogenetics and molecular genetics are aimed at increasing the genetic potential of dairy productivity of cattle. The purpose of the research was to study and monitor the genetic structure of the Brown Swiss cattle herd in Smolensk region using blood group marker genes. The studies were carried out on brown Swiss animals ($n=1367$), using generally accepted methods of immunogenetics. To characterize the genetic structure, the EAB locus was used. The milk productivity of animals was taken from Selex database. The genetic structure of the breeding herd was established and immunogenetic monitoring was carried out. The coefficient of genetic similarity between animals in the herd in 2017 and 2022 was 83%, with the breed being 90%. In the structure of the allele pool, the number of animals in the herd with the marker G3O1T1Y2E`3F`2G2`` increased by 18.4% to 40.4%, since 60% of all the service bulls used were carriers of the specified allele. The level of homozygosity of the herd increased by 8.8% ($Caj = 19.5$ %). The share of genes inherited from the breeds that participated in the improvement of the Brown Swiss breed is: 68.6% – Brown Swiss of American selection; 20.3% – domestic Swiss; 5.1% – Jersey. Milk yield per cow for 2022 amounted to 7567 kg of milk for the herd, which is 2191 kg more than in 2017. Heifers whose genotypes had EAB - alleles G3O1T1Y2E`3F`2 I`, B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y`, B1P1Y2G`Y`, O2A`2J`2K`O`, Y2A` exceeded the average parameters of herd analogues - in terms of milk yield by 268...1564 kg of milk, milk fat yield - by 20.0...75.6 kg, yield milk protein - by 15.4...40 kg. The obtained research results can be used in further selection of the herd to increase milk productivity of cows.

Keywords: Brown Swiss breed, genetic structure, alleles, genetic marker, milk production.

For citation: Gontov M. E. Characteristics and monitoring of the genetic structure of the brown swiss herd // Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy. 2024;1(65): 156-162 doi:10.18286/1816-4501-2024-1-156-162

**Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках Государственного задания
Федерального научного центра лубяных культур (FGSS – 2024-0003).**

Введение

Основная задача отечественного молочного скотоводства состоит в обеспечении населения ценным продуктом питания – молоком. Объемы его производства зависят от количества и качественных показателей разводимого поголовья животных. Исследованиями отечественных и зарубежных ученых установлена эффективность использования групп крови в качестве генетических маркеров в селекции крупного рогатого скота.

Группы крови – это антиген или группа антигенов, находящаяся на оболочке эритроцитов и наследуемых как единое целое, не изменяются в течение всей жизни животных. Выявляются отдельные антигены иммунологическими реакциями гемолиза с помощью специальных иммунных сывороток. У крупного рогатого скота установлено 12 систем групп крови, обозначаемых буквами латинского алфавита, каждая из которых содержит от двух до трех десятков антигенов и расположена в отдельной соматической хромосоме. Сведения о группах крови используют для повышения эффективности селекционной работы в скотоводстве:

- в проведении генетической экспертизы происхождения потомков [1];
- для анализа генетической структуры пород, стад, родственных групп, в определении сходства и различий между ними [2, 3, 4];
- подтверждения принадлежности отдельных животных, популяций к определенной породе [5];
- подтверждения генетического своеобразие вновь создаваемых селекционных групп животных [6];
- мониторинга аллелофонда пород с использованием ЕАВ-системы групп крови [7, 8];
- идентификации ценных генотипов высокопродуктивных животных и отборе животных с желательными генотипами в раннем возрасте [9, 10];
- оценки генотипов и использования быков-производителей с ценными генотипами для широкого распространения их желательных генов в потомстве [11,12];
- выявления фримартинизма телок в случае рождения разнополых близнецов [13];
- повышения воспроизводительных способностей животных [14, 15];
- при разведении по линиям и семействам [16, 17];
- для объективного контроля за генетической изменчивостью и направленностью селекционных процессов в популяциях [18, 19].

Цель исследований состояла в изучении и мониторинге генетической структуры крупного рогатого скота стада бурой швицкой породы с использованием маркерных генов групп крови в связи с молочной продуктивностью.

Материалы и методы

Исследования провели в лаборатории зоотехнологий ОП Смоленский НИИСХ ФГБНУ ФНЦ ЛК на поголовье животных бурой швицкой породы скота племрепродуктора «Дружба» Смоленской области с 2017 по 2022 г (1367 гол.). Для сравнительной характеристики использовали данные по всей бурой швицкой породе региона (2700 гол.). Идентификацию животных по группам крови проводили согласно методическим указаниям [1] с использованием 55 реагентов, изготовленных в лаборатории Смоленского НИИСХ. Из установленных у животных 12 генетических систем крови для характеристики генетической структуры стада использовали ЕАВ – систему, наиболее полно отражающую существующее генетическое разнообразие животных. Для характеристики продуктивных признаков исследуемых животных использовали базы данных «Селэкс». Содержание жира и белка в молоке определяли в лаборатории Смоленского НИИСХ. Биометрическую обработку экспериментальных данных проводили с использованием методических указаний (*Методические рекомендации по статистическому анализу иммуногенетических данных для использования в селекции животных / Л.А. Животовский, А.М. Машуров. – Дубровицы. - 1974. - 30 с. ; Плохинский Н.А. Биометрия / Н.А. Плохинский // М.: Изд-во Московского университета. - 1970. – 367 с.*), компьютерной программы Microsoft Excel.

При обработке материалов использовали следующие формулы:

Формулу (1) применяли для подсчета частоты встречаемости ЕАВ-аллеля:

$$q = \frac{P}{n} \quad (1)$$

где q – частота аллеля;

P – число данного аллеля;

n – общее число всех аллелей.

Формула (2) – для определения степени гомозиготности исследуемой группы животных в ЕАВ – локусе:

$$Ca = \sum p^2 * 100 \quad (2)$$

где Ca – коэффициент гомозиготности, %

p – частота данного аллеля.

Формула (3) – для определения степени генетического сходства между группами R = $\sum \sqrt{P_i * q_i}$ (3)

где R – индекс генетического сходства;

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

p_i, q_i – частоты идентичных аллелей.

Результаты

В результате идентификации и проведения генетической экспертизы у 99,5 % потомков подтвердились записи происхождения, что свидетельствует о высоком уровне племенного учета. Анализом аллелофонда EAB – локуса групп крови в стаде СПК «Дружба» в настоящее время установлено 45 EAB аллелей (табл.1), маркирующих наследственные особенности животных, что указывает на достаточный уровень наследственной изменчивости для дальнейшего повышения уровня молочной продуктивности дойного стада. Общее количество EAB-аллелей в стаде к 2022 г. снизилось по сравнению с 2017 г. на 4 единицы. Наследственное разнообразие животных стада по сравнению с породой (68 EAB аллелей) значительно ниже.

За 5 лет значительно возрос уровень гомозиготности стада, определяемый как сумма квадратов частот аллелей, выявленных у всех животных, и составил в 2022 г 19,5 %. По сравнению с 2017 г, гомозиготность увеличилась на 8,8 %. По этому показателю животные стада на 5,7 % превосходят породу. В соответствии с нарастанием уровня гомозиготности

установлено сокращение числа эффективных аллелей в стаде с 9,3 до 5,1.

Коэффициент генетического сходства ($R = 0,83$) между стадом в 2017 г. и стадом в 2022 г. объективно показывает на изменения генетической структуры популяции в результате проводимой селекционной работы.

Генофонд стада в 2022 г характеризуется высокой степенью концентрации генетического материала, маркированного EAB-аллелями G3O1T1Y2E3F2G2, I1Y2E1G1G, O2E1G2, B1G2KY2E1F0G, G3O1T1Y2E3F2I2, G2O1E1I1O1, I, которые присутствуют в генотипах 90 % животных. По сравнению с 2017 г, в генетической структуре стада увеличилось на 0,2 – 18,4 % поголовье коров – носителей маркерных аллелей G3O1T1Y2E3F2G2, B1O3Y2A1E3G1PQY, O2E1G2, G3O1T1Y2E3F2I, B1G1KE1F2O, B1G2KY2E1F0G, B2P2T2P2B. Доля животных с маркерными EAB –аллелями G1O, I1Y2E1G1G, не изменилась. Число животных стада с остальными маркерами снизилось на 0,1...6,9 %, из них, в большей мере, сократилась численность животных с маркерами b, G2O1E1I, I1Y2E1G1G, B1P1Y2G (на 1,6...6,9 %).

Таблица 1. Характеристика генетической структуры стада племрепродуктора СПК «Дружба» по частоте встречаемости аллелей EAB – локуса групп крови

| EAB -аллель | СПК "Дружба" | | Порода 2022 г n=2700 | Дружба 2022г | |
|---------------------|-----------------|--------------|-------------------------|--------------|------------|
| | 2017 г n=384 | 2022 г n=983 | | ± к 1917 | |
| | | | | ± к породе | ± к породе |
| G3O1T1Y2E3F2G2 | 0,22 | 0,404 | 0,32 | 0,184 | 0,084 |
| B1O3Y2A1E3G1PQY | 0,037 | 0,081 | 0,1 | 0,044 | -0,019 |
| O2E1G2 | 0,004 | 0,03 | 0,022 | 0,026 | 0,008 |
| G3O1T1Y2E3F2I | 0 | 0,022 | 0,016 | 0,022 | 0,006 |
| B1G1KE1F2O | 0,004 | 0,023 | 0,025 | 0,019 | -0,002 |
| B1G2KY2E1F0G | 0,013 | 0,025 | 0,04 | 0,012 | -0,015 |
| B2P2T2P2B | 0 | 0,002 | 0,005 | 0,002 | -0,003 |
| G1O | 0,044 | 0,044 | 0,072 | 0 | -0,028 |
| I | 0,009 | 0,009 | 0,011 | 0 | -0,002 |
| O | 0,014 | 0,013 | 0,014 | -0,001 | -0,001 |
| B1G3QO1T1A1P | 0,001 | 0 | 0 | -0,001 | - |
| I1 | 0,005 | 0,003 | 0,007 | -0,002 | -0,004 |
| I1O1QA2 | 0,005 | 0,003 | 0,009 | -0,002 | -0,006 |
| B1G2KY2A1B1O | 0,003 | 0,001 | 0,004 | -0,002 | -0,003 |
| B1I1T1A2P | 0,003 | 0 | 0 | -0,003 | - |
| I1Y2 | 0,004 | 0 | 0,011 | -0,004 | -0,011 |
| B1I1Q | 0,005 | 0 | 0 | -0,005 | - |
| G2E3F2O2G2 | 0,007 | 0,001 | 0,002 | -0,006 | -0,001 |
| Y2 | 0,008 | 0,001 | 0,005 | -0,007 | -0,004 |
| Y2A1Q1I | 0,008 | 0 | 0 | -0,008 | - |
| O1 | 0,016 | 0,007 | 0,006 | -0,009 | 0,001 |
| B1G2KY2E1F2G0G | 0,013 | 0,002 | 0,007 | -0,011 | -0,005 |
| B2I2A1D1G1Q | 0,018 | 0,005 | 0,021 | -0,013 | -0,016 |
| E3F2O | 0,018 | 0,005 | 0,004 | -0,013 | 0,001 |
| B1P1Y2GY | 0,116 | 0,1 | 0,066 | -0,016 | 0,034 |
| I1Y2E1G1G | 0,063 | 0,036 | 0,05 | -0,027 | -0,014 |
| G2O1E1I | 0,087 | 0,021 | 0,01 | -0,066 | 0,011 |
| b | 0,169 | 0,1 | 0,064 | -0,069 | 0,036 |
| Выявлено всего | 49 | 45 | 68 | -4 | -23 |
| Сaj | 10,7 | 19,5 | 13,8 | 8,8 | 5,7 |
| Эффективных аллелей | 9,3 | 5,1 | 7,3 | -4,2 | -2,2 |
| R | 0,83 | | X | X | X |
| R | X | 0,9 | X | X | X |

Возрастание уровня гомозиготности стада в 2022 г, по сравнению с 2017 г., произошло из-за увеличения в 1,8 раза количества животных – носителей маркерного аллеля G3O1T1Y2E`3F`2G`2. Их численность в стаде достигла 40 %. Также в 2,2 раза выросло число носителей EAB - аллеля B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y`.

Являясь структурной единицей бурой швицкой породы, стадо генетически мало (R = 0,90) отличается от породы (табл.1). Небольшие различия установлены по частоте встречаемости EAB-аллелей: G3O1T1Y2E`3F`2G`2, b, B1P1Y2G`Y`, G2O1E`1I` , концентрация которых на 1,1 – 8,4 % выше, и по частоте EAB-аллелей: I1Y2, I1Y2E`1G`I`G` , B1G2KY2E`1F`O`G` , B2I2A`1D`G`Q` , B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y` , G1O` , с концентрацией на 1,1 – 2,8 % ниже по сравнению с породой. Следует отметить, что из генофонда стада и породы элиминировали EAB –аллели B1T1A`2P` , B1G3QO1T1A`1P` , B1I`Q` , I`Y2A`1`Q``I` , так как коровы – носители этих

маркеров не удовлетворяют требуемым условиям селекции.

Иммуногенетический мониторинг, проводимый нами с самого начала совершенствования отечественного бурого швицкого скота с использованием бурой швицкой американской селекции и джерсейской пород, позволил определить специфичные для этих пород EAB – аллели. С помощью известных маркеров установили структуру аллелофонда стада с учетом сохранности генетического материала, унаследованного от отечественной и улучшающих её пород (табл. 2). Доля животных с генами, унаследованными от бурой швицкой породы американской селекции, составила 68,6 % – на 17,6 % больше, чем в 2017 г. Доля наследственности отечественных бурых швицев снизилась на 8,6 % и составила 20,6 %, джерсейской породы – снизилась на 2,0 % и составила 7,6 %. По сравнению с породой в стаде выше процент животных с генами, унаследованными от бурой швицкой американской селекции (на 5,4 %) и джерсейской (на 4,4 %) пород.

Таблица 2. Структура аллелофонда стада племрепродуктора «Дружба» в зависимости от происхождения аллелей EAB – локуса групп крови (2022 г, в %)

| Происхождение аллелей | «Дружба» | | Порода 2020 г |
|---|----------|--------|---------------|
| | 2016 г | 2020 г | |
| От бурой швицкой породы американской селекции | 50,9 | 68,6 | 63,2 |
| От отечественной бурой швицкой породы | 28,9 | 20,3 | 22,6 |
| От джерсейской породы | 9,6 | 7,6 | 3,2 |

Таблица 3. Генотипы EAB - локуса групп крови быков -производителей, использовавшихся в стаде с 2015 по 2021 гг.

| Инв.№ | Кличка | Линия | EAB - генотип |
|-----------|-----------|-------------------|--|
| 2577 | Вий | Меридиан 90827 | G3O1T1Y2E`3F`2`G`2` // G3O1T1Y2E`3F`2`G`2` |
| 2655 | Фасон | Меридиан 90827 | B1P1Y2Y2G`Y` //G3O1T1Y2E`3F`2G`2` |
| 7159 | Сердечный | Меридиан 90827 | O2E`2G` //B1G2KY2E`1F`O``G`2` |
| 9690 | Мерлинг | Меридиан 90827 | G3O1T1Y2E`3F`2G`2` //G2E`1O` |
| 2571 | Мусс | Концентрат 106157 | G3O1T1Y2E`3F`2G`2` // G3O1T1Y2E`3F`2G`2` |
| 3075 | Атлет | Концентрат 106157 | B1O3Y2A`2E`2E`3G`P`Q`Y` //G3O1T1Y2E`3F`2I`G`2` |
| 105117458 | Эскалибур | Концентрат 106157 | B1O3Y2A`2E`3G`P`Y` //G3O1T1Y2E`3F`2G`2` |
| 426 | Эгал | Леирд | G3O1T1Y2E`3F`2G`2` `B1O3Y2A`2E`3G`P`Y` |
| 2765 | Дар | Леирд | O` // B1O3Y2A`2E`3G`P`Q`Y` |
| 365 | Ноктюрн | Мастер 106902 | B1G2K`1E`1F`2O` // B1G2KY2E`1F`2O` |

Происходящие изменения генофонда стада зависят, в основном, от генотипов быков – производителей, используемых в хозяйстве (табл. 3). Так, широкое использование семени быков, в генотипах которых содержатся аллели G3O1T1Y2E`3F`2G`2 и B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y` , привело к значительному возрастанию численности коров-носителей этих маркеров, а, вместе с тем, и уровня гомозиготности в стаде.

60 % использовавшихся быков – производителей имеют в генотипе аллель G3O1T1Y2E`3F`2G`2, унаследованный от предков бурой швицкой породы американской селекции, из них 2 быка – Вий и Мусс гомозиготны по данному аллелю, поэтому маркер G3O1T1Y2E`3F`2`G`2` передали всем дочерям.

В результате селекционной работы, направленной на консолидацию в популяции лучшего наследственного материала, и применяемых

организационно-хозяйственных мер, возросла молочная продуктивность дойного стада. Удой на корову по сравнению с 2017 г. увеличился на 2191 кг и составил в 2022 г. 7567 кг молока. Для определения возможной сопряженности аллелей групп крови с молочной продуктивностью коров стада провели анализ молочной продуктивности 1355 первотелок в зависимости от наследования определенного маркера. Установили аллели, положительно коррелирующие с уровнем молочной продуктивности животных. В среднем по стаду удой коров за 305 дней первой лактации составил 5175±17 кг молока, выход молочного жира 214,3±1,3 кг, молочного белка 174,2±1,1 кг. Первотелки, в генотипах которых имелись EAB – аллели G3O1T1Y2E`3F`2I` , B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y` , B1P1Y2G`Y` , O2A`2J`2K`O` , Y2A`1 и некоторые другие, превышали средние показатели аналогов стада – по удою на 268...1564 кг

молока, выходу молочного жира – на 20,0...75,6 кг, выходу молочного белка – на 15,4...40 кг. При этом положительная разница в продуктивности носителей аллелей G3O1T1Y2E`3F`2I`, B1P1Y2G`Y`, B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y, по сравнению со средними показателями, статистически значима ($p \leq 0,001$).

Также установили аллели, маркирующие наследственность коров, обладающих более низкой молочной продуктивностью, с удоем коров на 47...671 кг молока меньше, чем в среднем по стаду. Из них достоверно меньше удой животных с аллелями G2O1E`1I` и b ($p \leq 0,001$), I1Y2E`1G`I`G`` ($p \leq 0,01$).

При содержании жира в молоке в среднем по всем первотелкам 4,16 %, лучшие показатели (4,31...4,36 %) установлены у первотелок с аллелями: G3O1T1Y2E`3F`2I`, O2E`2G``2, B1G1KE`1F`2O`, B1G2KY2E`1F`O`G``; по содержанию белка в молоке (свыше 3,40 %) выделяются первотелки с маркерами G3O1T1Y2E`3F`2G``, B1G1KE`1F`2O`, B1G2KY2E`1F`O`G``, I`Q`, I1 при содержании в среднем по стаду первотелок 3,37% белка. Необходимо отметить, что первотелки, унаследовавшие характерные для животных джерсейской породы EAB – аллели O2E`2G``2 и B1G2KY2E`1F`O`G``, по содержанию жира в молоке (4,35...4,36 %) превосходили своих сверстниц стада на 0,2% (статистически значимо, при $p \leq 0,001$). Это свидетельствует о сцепленном наследовании EAB – аллелей O2E`2G``2 и B1G2KY2E`1F`O`G`` с генетическим материалом животных джерсейской породы, влияющем на проявление высокой жирномолочности коров.

Обсуждение

Селекция молочного скота неизбежно сопровождается изменением генетической структуры пород, а также отдельных стад вследствие элиминирования, интродукции, дрейфа, мутаций генов. Изменения в генофонде животных бурой швицкой породы стада племрепродуктора «Дружба», происшедшие за период с 2017 по 2022 гг., выявлены с помощью маркерных аллелей EAB – локуса групп крови. В стаде сократилось общее количество аллелей на 4 единицы, следовательно, снизился уровень наследственной изменчивости. Изменилась структура аллелофонда, в которой на 17,6 % возросла и составила 68,6 % концентрация аллелей, специфичных для животных бурой швицкой породы американской селекции, и только аллель G1O`, характерный для швицев отечественной селекции, сохранил за анализируемый нами период нейтральный статус. Доля животных с остальными маркерами отечественной швицкой и джерсейской пород снизилась.

Особенно возросло (на 18,4 %) количество животных с маркером G3O1T1Y2E`3F`2G2`` и составило 40,4 % в стаде. Распространению наследственного материала, маркируемого данным аллелем в стаде и возрастанию на 8,8 % гомозиготности стада способствовало широкое использование быков-производителей – носителей данного маркера (60 % от

всех используемых быков), в том числе гомозиготных.

Являясь структурной единицей породы, стадо, как и следовало ожидать, по структуре аллелофонда генетически мало отличается от породы, коэффициент генетического сходства составляет 90 %.

Аналогичные изменения структуры стада голштинской породы за 15 лет селекции выявлены авторами [18], установившими в породе и отдельном стаде значительное снижение (с 42 до 23) количества аллелей. Интенсивное использование быков, носителей EAB – аллеля G2Y2E`1Q`, привело к увеличению количества животных, носителей данного аллеля в 1,7 раза и элиминации частоты встречаемости более 11 других маркеров.

Сокращение отечественного генофонда может привести к безвозвратной утере генов отечественных пород, приспособленных в процессе адаптации к локальным условиям окружающей среды, и отрицательно сказаться на биоразнообразии – важнейшей составляющей устойчивого развития скотоводства в будущем [20]. Из результатов наших исследований видно, что в стаде животных племрепродуктора «Дружба» происходит сокращение и даже элиминация наследственного материала швицкой породы отечественной селекции. Для его сохранения необходимо использовать в подборках соответствующих производителей, так как они оказывают решающее влияние на генофонд стада и породы.

Анализом молочной продуктивности первотелок и их генотипов установили аллели, коррелирующие с уровнем молочной продуктивности животных. Первотелки, в генотипах которых имелись EAB – аллели G3O1T1Y2E`3F`2I`, B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y, B1P1Y2G`Y, O2A`2J`2K`O`, Y2A`1 и некоторые другие, превышали средние показатели аналогов стада – по удою на 268...1564 кг молока, выходу молочного жира – на 20,0...75,6 кг, выходу молочного белка – на 15,4...40 кг. При этом положительная разница в продуктивности носителей аллелей G3O1T1Y2E`3F`2I`, B1P1Y2G`Y, B1O3Y2A`1E`3G`P`Q`Y, по сравнению со средними показателями статистически значима ($p \leq 0,001$).

Примечательно, что коровы, унаследовавшие EAB – аллели O2E`2G``2 и B1G2KY2E`1F`O`G``, характерные для животных джерсейской породы, по жирномолочности (4,35...4,36 %) статистически значимо, при $p \leq 0,001$, превосходили на 0,2 % своих сверстниц, что свидетельствует о «дрейфе» генов джерсейской породы вместе с маркерными аллелями EAB - локуса в нескольких поколениях.

В аналогичных исследованиях, проведенных на других породах и стадах, также установлена сопряженность высокой молочной продуктивности коров с отдельными маркерными EAB -аллелями групп крови по причине сцепленного наследования маркера с генетическим материалом животных, обуславливающим более высокую продуктивность животных [12, 17].

Иммуногенетический мониторинг позволяет объективно оценивать генетическую ситуацию и выявлять лучший наследственный материал животных, поэтому в дальнейшей селекционной работе по совершенствованию продуктивных качеств животных необходимо использовать генетические маркеры.

Заключение

В результате исследований установлена генетическая структура стада бурой швицкой породы крупного рогатого скота племрепродуктора «Дружба», определяемая аллелями EAB – локуса групп крови. Генетическая изменчивость в стаде (45 EAB – аллелей) достаточна для дальнейшей селекции на повышение молочной продуктивности коров. В стаде наибольшее распространение получают гены, унаследованные от животных бурой швицкой породы

американской селекции (68,6 %), из которых наиболее значительную часть (40,4 %) составляет EAB – аллель G3O1T1Y2E/3F/2G'. Коэффициент генетического сходства ($R = 0,83$) между животными стада в 2017 и 2022 г указывает на изменение генофонда. За 5 лет увеличился коэффициент гомозиготности на 8,8 % и равняется 15,5 %. Установлены EAB-аллели, положительно коррелирующие с молочными признаками животных стада, которые желательно учитывать в дальнейшей селекционной работе, особенно EAB-аллель G3O1T1Y2E/3F/2I'. В связи с возрастанием уровня гомозиготности в стаде необходимо изучить продуктивные, воспроизводительные способности и продуктивное долголетие гомозиготных животных с целью определения влияния на эти практически значимые признаки.

Литература

- 1 Тяпугин С. Е. Программа генетической экспертизы племенной продукции животных Российской Федерации, ее недостатки и совершенствование / С.Е Тяпугин и др. // Зоотехния. 2021. № 9. С. 2-4. doi: 10.25708/ZT.2021.52.99.001.
2. Мониторинг генетической структуры красно-пестрой и красных пород в племенных стадах / Н. Г. Букаров, Т. А. Князева, А. А. Новиков и др. // Молочное и мясное скотоводство. 2016. № 5. С. 8 - 12.
- 3 Иммуногенетический контроль селекционных процессов в популяции крупного рогатого скота / Г. А. Романенко, С. Л. Гридина, Ф. А. Сагитдинов и др. // Сборник материалов международной научно-практической конференции "Стратегические задачи по научно-технологическому развитию АПК" 2018. С. 267-271.
- 4 Rychlik, T. Characteristics of the genetic structure of Red-and-White cattle based on blood group tests / T. Rychlik, A. Radko, M. Koscielny // Annals of animal science Nat. research inst. of animal production. Krakow, 2008. Vol. 8. No. 3. P.215-223.
5. Машуров, А.М. Генетические маркеры в селекции животных // М.Наука, 1980. 318 с.
6. Иммуногенетический мониторинг при выведении и совершенствовании типа "Смоленский" бурого швицкого скота в смоленской области / М. Е. Гонтов, Д. Н. Кольцов, В. К. Чернушенко и др. // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 3. С. 54 - 55.
7. Аллелофонд архангельской популяции холмогорского скота / В. П. Прожерин, В. Л. Ялуга, И. В. Селькова и др. // Эффективное животноводство. 2018. 5 (144) с 26-27.
8. Генетическое маркирование в племенном скотоводстве / А. А. Новиков, Н. Г., Букаров, Н.Г Рыжова и др. // Зоотехния. 2019. 5. С.2. doi: 10.25708/ZT.2019.29.37.002.
9. Применение разработанной системы использования групп крови на этапах селекции бурого швицкого скота в Смоленской области / Д. Н. Кольцов, М. Е. Гонтов, В. А. Багиров и др. // Достижения науки и техники АПК. 2015. Т. 29. № 10. С. 86 - 89.
10. Trait-based analysis in dairy cattle using blood group polymorphisms / J. L. Rocha, et al. // J. Dairy Sci. 1998. Vol. 81. P. 1681-1689.
11. Попов, Н. А., Сидорова В. Ю. Совершенствование селекционных признаков скота при использовании инбредных и гомозиготных быков-производителей // Главный зоотехник. 2022. № 9 (230). С. 3-16. doi: 10.33920/sel-03-2209-01.
12. Русанова, С. А., Гостева Е. Р. Оценка быков локальных пород по продуктивности дочерей с использованием маркерных аллелей // Сельскохозяйственный журнал. 2023. № 3 (16). С. 106-116. doi: 10.48612/FARC/2687-1254/011.3.16.2023.
13. Иммуногенетический способ определения моно- и дизиготности у потомков четырех видов жвачных животных / Н.С.Марзанов, Е.А.Корецкая, Марзанова С.Н. и др. // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2019. № 6. С. 49 - 61. doi: 10.34677/0021-342x-2019-6-49-61.
14. Гридина, С. Л., Шаталина О. С. Взаимосвязь групп крови крупного рогатого скота и продолжительности сервис-периода // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. 2015. № 3. С. 54-56.
15. Гонтов М. Е, Кольцов Д. Н. Генетические особенности коров бурой швицкой породы в зависимости от причин выбраковки из стада / Аграрный научный журнал. 2023. № 5. С. 79 - 84. doi: 10.28983/asj.y2023i5pp79-84.
16. Кузьминков И. И., Подречнева И. Ю., Егоров О. С. Оценка аллелофонда заводских семейств скота костромской породы // Мичуринский агрономический вестник. 2018. № 1. С. 61-66.

17. Дмитриева В. И., Кольцов Д. Н. Генетические маркеры групп крови при оценке молочной продуктивности коров семейств сычевской породы // Зоотехния. 2023. № 8. С. 2-7. doi: 10.25708/ZT.2023.73.82.001.
18. Шукюрова Е. Б., Марзанов Н. С. Мониторинг аллелофонда EAB-локуса групп крови в процессе селекции крупного рогатого скота голштинской породы в условиях Сахалинской области // Аграрная Россия. 2021. № 12. С. 26 - 30. doi: 10.30906/1999-5636-2021-12-26-30.
19. Notter D. R. The importance of genetic diversity in livestock population of the future // J. Animal Sci. 1999. Vol.77. P. 61-69.
20. Генетическое маркирование, сохранение биоразнообразия и проблемы разведения животных / Н. С. Марзанов, Д. А., Девришов, С. Н. Марзанова и др. // Сельскохозяйственная биология. 2011. Т. 46. № 2. С. 3-14.

References

- 1 Tyapugin S. E. Program of genetic examination of breeding products of animals of the Russian Federation, its shortcomings and improvement / S.E. Tyapugin et al. // Zootechnics. 2021. No. 9. P. 2-4. doi: 10.25708/ZT.2021.52.99.001.
2. Monitoring of the genetic structure of red-motley and red breeds in breeding herds / N. G. Bukarov, T. A. Knyazeva, A. A. Novikov, et al. // Dairy and meat cattle breeding. 2016. No. 5. P. 8 - 12.
3. Immunogenetic control of selection processes in cattle population / G. A. Romanenko, S. L. Gridina, F. A. Sagitdinov, et al. // Collection of materials of the international scientific and practical conference "Strategic tasks for scientific and technological development of the agro-industrial complex" 2018. P. 267-271.
4. Rychlik T. Characteristics of the genetic structure of Red-and-White cattle based on blood group tests / T. Rychlik, A. Radko, M. Koscielny // Annals of animal science Nat. research inst. of animal production. Krakow, 2008. Vol. 8. No. 3. P.215-223.
5. Mashurov A. M. Genetic markers in animal breeding. M.Nauka, 1980. 318 p.
6. Immunogenetic monitoring when breeding and improving "Smolensky" type of Brown Swiss cattle in Smolensk region / M. E. Gontov, D. N. Koltsov, V. K. Chernushenko et al. // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. 2011. No. 3. P. 54 - 55.
7. Allele pool of Arkhangelsk population of Kholmogory cattle / V. P. Prozherin, V. L. Yaluga, I. V. Selkova, et al. // Effective animal husbandry. 2018. Vol. 5. No.144. P. 26-27.
8. Genetic marking in livestock breeding / A. A. Novikov, N. G. Bukarov, N. G. Ryzhova, et al. // Zootechnics. 2019. Vol. 5. P.2. doi: 10.25708/ZT.2019.29.37.002.
9. Application of the developed system for using blood groups at the stages of selection of brown Swiss cattle in Smolensk region / D. N. Koltsov, M. E. Gontov, V. A. Bagirov, et alt. // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. 2015. Vol. 29. No. 10. P. 86-89.
10. Trait-based analysis in dairy cattle using blood group polymorphisms / J. L. Rocha, et al. // J. Dairy Sci.1998.Vol. 81. P. 1681-1689.
11. Popov N. A., Sidorova V. Yu. Improvement of selection traits of livestock using inbred and homozygous servicing bulls // Chief livestock specialist. 2022. No. 9 (230). P. 3-16. doi: 10.33920/sel-03-2209-01.
12. Rusanova S. A., Gosteva E. R. Evaluation of bulls of local breeds based on the productivity of daughters using marker alleles // Agricultural Journal. 2023. No. 3 (16). P. 106-116. doi: 10.48612/FARC/2687-1254/011.3.16.2023
13. Immunogenetic method for specification of mono- and dizygosity in the descendants of four species of ruminants / N. S. Marzanov, E. A. Koretskaya, S. N. Marzanova, et alt. // Proceedings of Timiryazev Agricultural Academy. 2019. No. 6. P. 49 - 61. doi: 10.34677/0021-342x-2019-6-49-61.
14. Gridina S. L., Shatalina O. S. Relationship between blood groups of cattle and the duration of the service period // Reports of the Russian Academy of Agricultural Sciences. 2015. No. 3. P. 54-56.
15. Gontov M. E., Koltsov D. N. Genetic characteristics of Brown Swiss cows depending on the reasons for culling from the herd / Agrarian scientific journal. 2023. No. 5. P. 79 - 84. doi: 10.28983/asj.y2023i5 P.79-84
16. Kuzminkov I. I., Podrechneva I. Yu., Egorov O. S. Assessment of the allele pool of factory families of Kostroma breed cattle // Michurinsky Agronomic Bulletin. 2018. No. 1. P. 61-66.
17. Dmitrieva V. I., Koltsov D. N. Genetic markers of blood groups in assessing milk productivity of cows of Sychev breed // Zootechnics. 2023. No. 8. P. 2-7. doi: 10.25708/ZT.2023.73.82.001.
18. Shukyurova E. B., Marzanov N. S. Monitoring of the allele pool of the EAB blood group locus in selection of Holstein cattle in the conditions of Sakhalin region // Agrarian Russia. 2021. No.12. P. 26 - 30. doi: 10.30906/1999-5636-2021-12-26-30.
19. Notter D. R. The importance of genetic diversity in livestock population of the future // J. Animal Sci. 1999. Vol.77. P. 61-69.
20. Genetic marking, conservation of biodiversity and problems of animal breeding / N. S. Marzanov, D. A., Devrishov, S. N. Marzanova, et al. // Agricultural biology. 2011. Vol. 46. No. 2. P. 3-14.