

DOI: 10.12731/2658-6649-2025-17-4-1234

EDN: SJLFAJ

УДК 636.2.03:575



Научная статья

МОНИТОРИНГ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА ДНК-МАРКЕРОВ ПРОДУКТИВНОСТИ МОЛОЧНОГО СКОТА

И.П. Иванова, Е.Н. Юрченко, Ю.А. Оконешникова

Аннотация

Обоснование. Традиционные системы улучшения молочного скота требуют значительных ресурсов и не отличаются высокой эффективностью. Отбор с учетом ДНК маркеров позволяет оптимально формировать стада. Мониторинг генетического полиморфизма генов ассоциированных с улучшенными качествами молочного скота является основой для коррекции программ селекции.

Цель. Изучить генотипические особенности популяций молочного скота Омской области.

Материалы и методы. Объект исследования - генотипы коров красной степной и черно-пестрой пород. Мониторинг полиморфизма генов проводился на основании генетических паспортов коров с 2020 по 2024 гг. Количество генотипов коров в мониторинге - 356 голов. Генотипирование проводилось в лабораториях KSITEST, г. Москва и в ФГБОУ ВО «ГАУ Северного Зауралья», г. Тюмень. Определялись SNP по генам CSN₂, LGB, GH.

Результаты. Наибольший удельный вес в популяции имеет аллель A₁ гена CSN₂ от 40 % в красной степной породе и до 45 % в черно-пестрой. Наименьшую частоту встречаемости в черно-пестрой породе у аллеля F – 0,71 %. Доля гомозигот CSN₂^{A2A2} в красной степной породе - 23,33 %, что выше, чем в черно-пестрой породе на 6,18 %. Частота встречаемости аллеля A гена LGB у коров черно-пестрой породы составила 62,14 % и 51,67 % у красной степной породы. С 2022 по 2024 гг. частота желательного аллеля, гена CSN₂ снизилась на 0,06 – 0,07. Частота желательного аллеля GH и LGB увеличилась в 2024 г в двух популяциях. Генетическая основа популяции практически не изменилась за период 2022-2024 гг., что свидетельствует об отсутствии селекционного давления по ДНК-маркерам.

Заключение. Популяция молочного скота в Омской области характеризуется высоким генетическим разнообразием по генам-маркерам молочной

продуктивности, а регулярный мониторинг генетической структуры пород позволит оптимизировать селекционный процесс.

Ключевые слова: полиморфизм; молочная продуктивность; ДНК-маркер; селекция

Для цитирования. Иванова, И. П., Юрченко, Е. Н., & Оконешникова, Ю. А. (2025). Мониторинг генетического полиморфизма ДНК-маркеров продуктивности молочного скота. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(4), 206-222. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-4-1234>

Original article

MONITORING OF GENETIC POLYMORPHISM OF DNA MARKERS OF DAIRY CATTLE PRODUCTIVITY

I.P. Ivanova, E.N. Yurchenko, Yu.A. Okoneshnikova

Abstract

Background. Traditional dairy cattle improvement systems require significant resources and are not highly efficient. Selection based on DNA markers makes it possible to optimally form herds. Monitoring of genetic polymorphism of genes associated with improved qualities of dairy cattle is the basis for correction of breeding programs.

Purpose. To study the genotypic features of dairy cattle populations in the Omsk region.

Materials and methods. The object of the study is the genotypes of cows of the red steppe and black-mottled breeds. Monitoring of gene polymorphism was carried out on the basis of genetic passports of cows from 2020 to 2024. The number of genotypes of cows in the monitoring is 356 heads. Genotyping was carried out in the laboratories of KSITEST, Moscow and in the Federal State Budgetary Educational Institution “GAU Northern Trans-Urals”, Tyumen. SNPs have been determined by the CSN₂, LGB, and GH genes.

Results. The A1 allele, the CSN₂ gene, has the highest proportion in the population, from 40% in the red steppe breed and up to 45% in the black-mottled one. The lowest frequency of occurrence in the black-and-white breed in the F allele is 0.71%. The proportion of CSN₂^{A2A2} homozygotes in the red steppe breed is 23.33%, which is higher than in the black-mottled breed by 6.18%. The frequency of occurrence of the allele A of the LGB gene in black-and-white cows was 62.14% and

51.67% in the red steppe breed. From 2022 to 2024, the frequency of the desired allele of the CSN₂ gene decreased by 0.06 – 0.07. The frequency of the desired allele of GH and LGB increased in 2024 in two populations. The genetic basis of the population has practically not changed over the period 2022-2024, which indicates the absence of breeding pressure, taking into account DNA markers.

Conclusion. Dairy cattle populations in the Omsk region are characterized by high genetic diversity in terms of genes-markers of dairy productivity, and regular monitoring of the genetic structure of breeds will optimize the breeding process.

Keywords: polymorphism; milk productivity; DNA marker; breeding

For citation. Ivanova, I. P., Yurchenko, E. N., & Okoneshnikova, Yu. A. (2025). Monitoring of genetic polymorphism of DNA markers of dairy cattle productivity. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(4), 206-222. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-4-1234>

Введение

Молочное скотоводство занимает ключевые позиции в аграрном секторе многих стран, обеспечивая не только продовольственную безопасность, но и значительный вклад в экономику сельских территорий [1; 15; 18]. С увеличением спроса на молочные продукты данная отрасль сталкивается как с новыми вызовами, так и возможностями для устойчивого развития. В Российской Федерации молочное скотоводство является одной из наиболее важных подотраслей сельскохозяйственного производства, поскольку молоко является стратегически важным продуктом в потребительской корзине россиян [11; 12]. Использование современных популяционно-генетических и геномных технологий повышения эффективности производства молока, улучшения его качественных характеристик, а также получение отечественного племенного материала обеспечивают базис продовольственной безопасности страны [13].

Основным приоритетом в масштабах страны является формирование лучшего генофонда крупного рогатого скота молочного направления продуктивности [2; 4; 11]. Достижение высокого уровня племенной и хозяйственной ценности популяции молочного скота обусловлено оптимальным использованием наиболее ценных особей, их генотипов в воспроизводстве, о чем свидетельствуют результаты Л.Н. Чижова (2020), Ю.В. Исуповой и Е.В. Ачасовой (2021), И.М. Дунина (2024), А. Kharzhau, Y.A. Baturgaliev, N.V. Bogolybova (2023). Для создания высокопродуктивных стад молочного скота при сокращении периода селекционной оценки и повышения ее точности необходимо учитывать генетическую основу продуктивных ка-

честв животных [14; 16; 17; 19]. В сравнении с традиционными методами селекции в стадах крупного рогатого скота такой подход позволяет получить экономический эффект значительно раньше и будет способствовать селекционному прогрессу в популяции [6; 9; 10; 20]. В связи с этим важно обеспечить научно-обоснованную концепцию селекционно-племенной работы и сохранения отечественного генофонда красной степной и черно-пестрой пород, разводимых в Омской области.

Изучение полиморфизма генов ассоциированных с продуктивными качествами и хозяйственно-полезными признаками позволяет определить генетическое разнообразие популяции и использовать полученные данные при организации селекционной работы с животными [7; 8]. Современная маркерная селекция выделяет несколько аллелей генов и гормонов, по наличию которых можно спрогнозировать продуктивные качества каждой оцениваемой особи [5].

Молочная продуктивность крупного рогатого скота формируется путем сложного взаимодействия генотипа и внешней среды. Полигенный тип наследования количественных признаков, к которым относится и молочная продуктивность, затрудняет селекцию крупного рогатого скота, так как увеличивается число параметров отбора. В связи с этим определение генетической структуры популяции будет способствовать сохранению генофонда и переходу к эффективным методам селекции [3]. Использование результатов мониторинга генетического полиморфизма по генам-маркерам молочной продуктивности в популяции молочного скота приведет к созданию оптимальных селекционных программ, которые будут способствовать развитию отечественного животноводства.

Цель исследования заключается в изучении генотипических особенностей популяций красного степного и черно-пестрого скота Омской области.

Основными задачами исследования определены:

- изучить полиморфизм ДНК маркеров продуктивности (CSN₂, LGB, GH) в популяциях молочного скота;
- провести сравнительный анализ генетической структуры популяций в пределах двух генераций.

Материалы и методы исследования

Объектом исследования были генотипы коров красной степной и черно-пестрой пород. Исследования проведены в ООО «Рассвет» и АО «Азовское» Омской области с общим поголовьем 1520 голов. Для гено-

типирования были сформированы 2 группы коров в зависимости от породной принадлежности. На основании анализа родословных животных устанавливалась кровность по основной породе. Коров с кровностью до 75 % по красной степной или черно-пестрой породе включали в отобранную группу для определения их генотипа.

Мониторинг генетического полиморфизма проводился на основании данных о генотипировании коров в период с 2020 по 2024 гг. общее количество генотипов крупного рогатого скота учтенных в мониторинге генетического полиморфизма составило 356 голов. Определение генотипов проводилось в лаборатории молекулярно-генетической экспертизы KSITEST ООО «Ксивелью», г. Москва (2024 г) и в Центре геномных технологий ФГБОУ ВО «ГАУ Северного Зауралья», г. Тюмень (2020 г).

Молекулярно-биологические исследования биологических образцов животных (жидкая кровь, волосаянй выщип) проводились с применением классических методов, согласно инструкции фирм производителей коммерческих наборов с определением однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) по генам CSN₂, LGB, GH.

Исследование проводилось на основе изучения данных с использованием аналитического, статистического, лабораторного методов и ДНК-тестирования.

Статистическую обработку полученных данных проводили с использованием программы Statistica, оценку достоверности – по критерию Стьюдента. Уровень значимости устанавливался равным 0,05.

Результаты исследования

Ген бета-казеина имеет 12 аллельных вариантов, но в популяции молочного скота Омской области встречаются не все. Установлено, что популяция коров по гену бета-казеина CSN₂ имеет высокое разнообразие (рис. 1).

Генофонд исследуемого поголовья по гену CSN₂ характеризуется пятью аллельными вариантами. Наибольший удельный вес в популяции имеет аллель A₁, от 40 % в красной степной породе и до 45 % в черно-пестрой породе.

Исследуемые популяции имеют сходную структуру полиморфизма гена CSN₂. Аллель A₂, так же встречается достаточно часто, у 46,67 % поголовья красного степного скота и 40,71 % среди черно-пестрого. Наименьшую частоту встречаемости в популяции черно-пестрого скота имеет аллель F – 0,71 %.

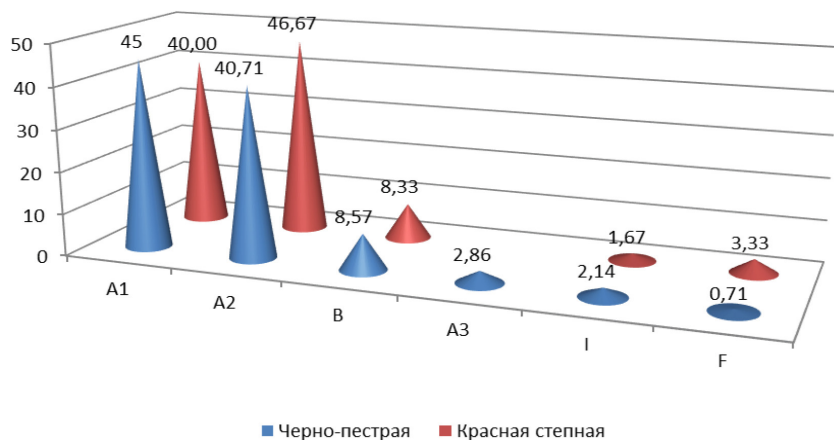


Рис. 1. Частота аллелей гена CSN_2

В генофонде красной степной породы аллель F встречается на 2,62 % чаще, чем в черно-пестрой. Коров с аллелем A_3 гена CSN_2 среди красной степной породы не выявлено.

Для получения молока с улучшенными технологическими качествами молочного белка наиболее предпочтительным является генотип по бета-казеину $CSN_2^{A_2A_2}$. Доля коров в популяции красной степной породы являющихся гомозиготами с наиболее желательным генотипом $CSN_2^{A_2A_2}$ составила 23,33 %, что выше, чем в популяции коров черно-пестрой породы на 6,18 % (рис. 2).

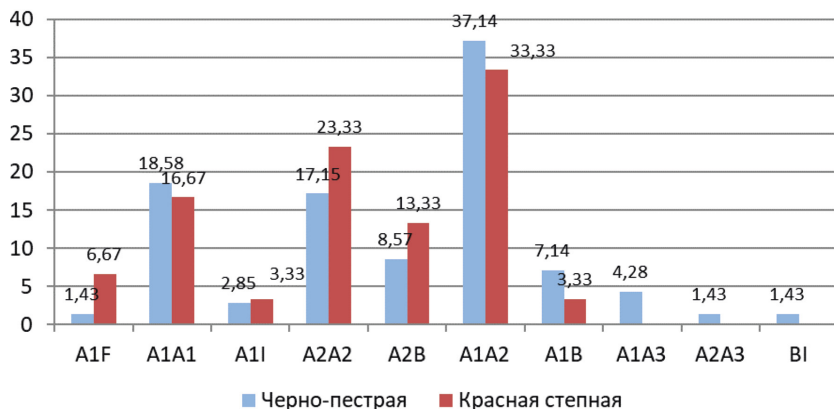


Рис. 2. Полиморфизм гена CSN_2

В популяции коров красной степной породы выявлено 7 различных генотипов гена CSN_2 . Большим полиморфизмом гена CSN_2 обладает черно-пестрая порода, выявлено 10 встречающихся генотипов. Наибольший удельный вес в популяции приходится на гетерозигот CSN_2^{A1A2} . Частота встречаемости носителей ассоциированного аллеля с продуктивностью в популяциях черно-пестрого и красного степного скота находится в пределах 46,66 – 47,14%. Носители аллеля A_2 имеют генотипы CSN_2^{A1A2} , CSN_2^{A2B} и CSN_2^{A2A3} .

Таким образом, генетическое разнообразие исследуемых популяций по гену бета-казеина (CSN_2) позволяет использовать оптимальные генотипы в системе разведения и совершенствовать поголовье по технологическим характеристикам молока. Среди коров черно-пестрой породы Омской области 64,29% и 69,99% животных красной степной породы способны передать потомству желательный аллель A_2 гена CSN_2 .

Полиморфизм гена LGB находится в сбалансированном состоянии. А-аллель встречается чаще в популяциях, чем аллель В. Частота встречаемости аллеля А гена LGB у коров черно-пестрой породы составила 62,14% и 51,67% у коров красной степной породы (рис. 3).

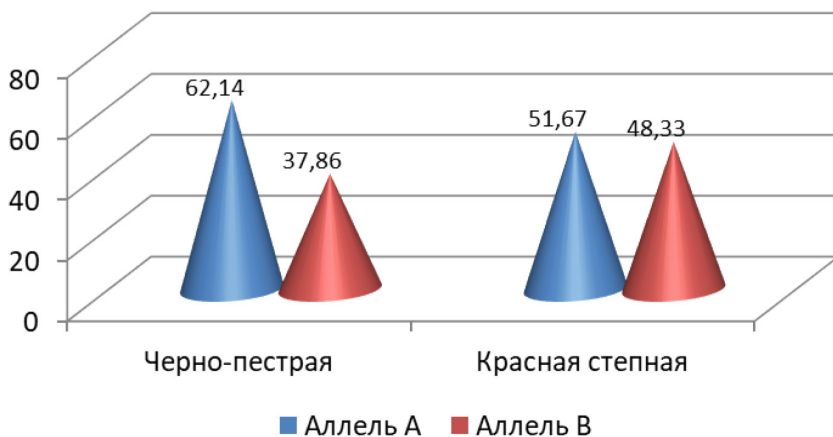


Рис. 3. Частота встречаемости аллелей LGB

Наиболее желательный В-аллель для селекции коров на улучшение технологических характеристик молока встречается в популяции красной степной породы чаще на 10,47 %.

На рисунке 4 представлен полиморфизм генотипов гена LGB.

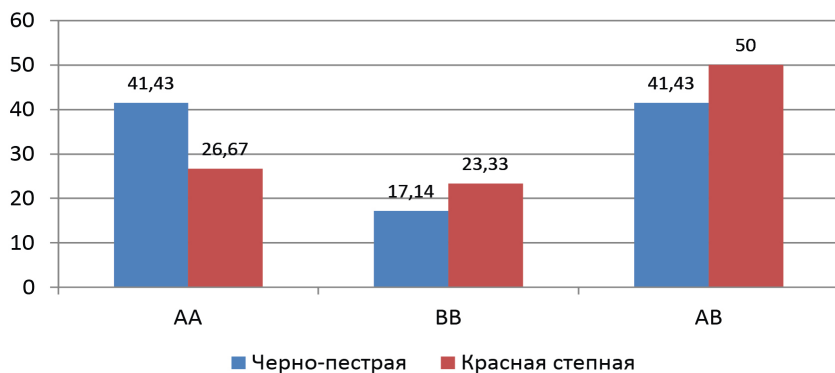


Рис. 4. Полиморфизм гена лактоглобулина

Генотип LGB^{BB} встречается у 17,14 % коров черно-пестрой породы, что на 6,19 % реже, чем доля гомозигот с генотипом LGB^{BB} в красной степной породе. Половина коров в популяции красной степной породы являются носителями желательного аллеля В и имеют генотип LGB^{AB} . Для коров черно-пестрой породы на долю гетерозигот с генотипом LGB^{AB} приходится 41,43 %. Частота встречаемости генотипов LGB^{AA} в черно-пестрой и красной степной породах составила 41,43 % и 26,46 % соответственно.

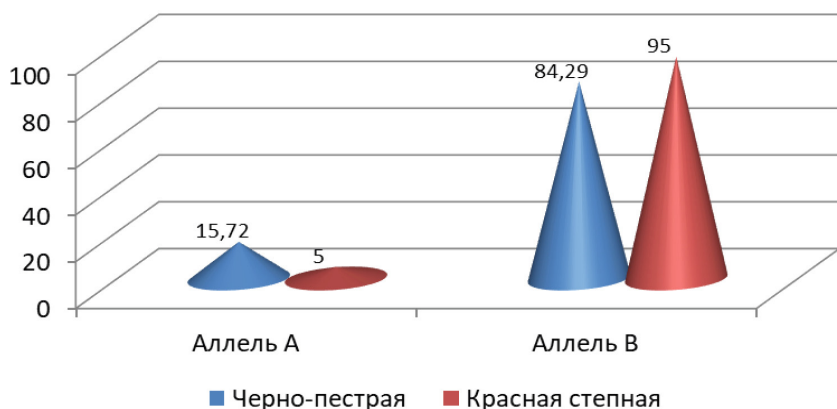


Рис. 5. Частота встречаемости аллелей гормона роста (ген GH)

Гормон роста – соматотропин, регулирует в организме животного обменные процессы, репродуктивную функцию и лактацию, поэтому в се-

лекции используется в качестве ДНК-маркера. На рисунке 5 представлен полиморфизм гена GH.

Частота аллеля В в популяциях значительно превосходит частоту А-аллеля. Доля аллеля В в генетической структуре черно-пестрой породы составила 84,29 %, и 95 % в структуре генофонда красной степной породы. Частота встречаемости А-аллеля в популяции коров черно-пестрой породы составила 15,72 %, что на 10,72 % больше, чем в красной степной породе.

Полиморфизм генотипов показал, что 90 % коров красной степной породы имеют генотип GH^{BB}. В популяции черно-пестрого скота 68,57 % особей с генотипом GH^{BB} (рис. 6).

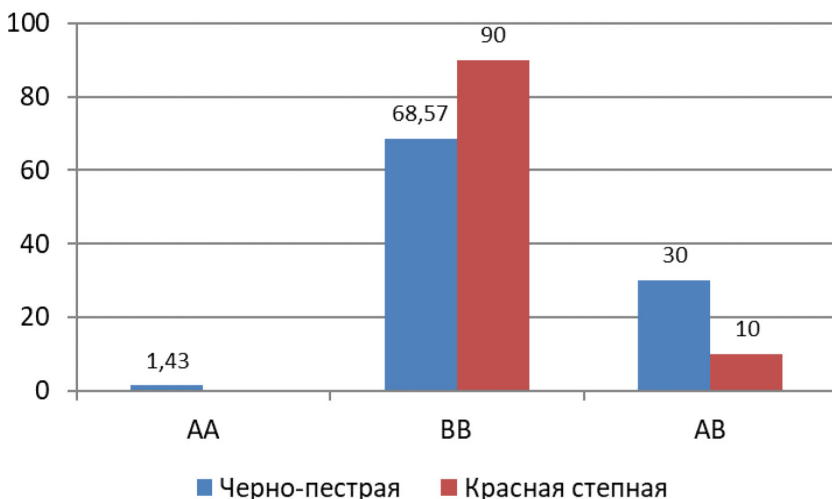


Рис. 6. Полиморфизм гена GH

Наиболее желательным является В-аллель гена GH. 100 % исследуемого поголовья красного степного скота имеют желательный аллель в своем генотипе. На долю гетерозигот с генотипом GH^{AB} приходится 10 % коров красной степной породы и 30 % коров черно-пестрой породы. В популяции черно-пестрого скота отмечено минимальное количество особей с генотипом GH^{AA}.

Мониторинг генетического полиморфизма по генам бета-казеина, бета-лактоглобулина и гормона соматотропина показал как положительную, так и отрицательную динамику частоты встречаемости желательных аллелей в популяциях (рис. 7).

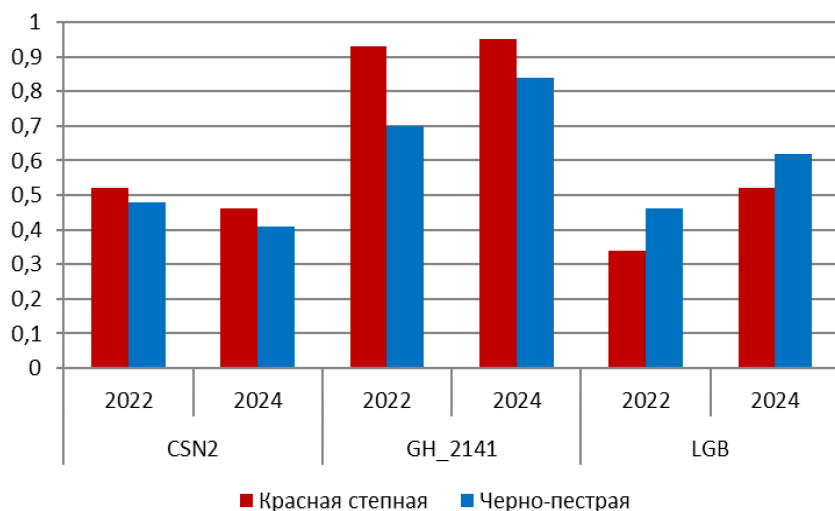


Рис. 7. Мониторинг генетического полиморфизма в популяции коров

За период с 2022 по 2024 гг. частота желательного аллеля, гена кап-па-казеина снизилась не значительно (разница в пределах 0,06 – 0,07).

Частота желательного аллеля соматотропина и бета-лактоглобулина увеличилась в 2024 г в популяции как красной степной, так и черно-пестрой пород.

В целом мониторинг генетического полиморфизма показал, что генетическая основа популяции практически не изменилась за период 2022-2024 гг., что свидетельствует об отсутствии селекционного давления на популяции по ДНК-маркерам.

Обсуждение

О.А. Скачкова (2022) и другие исследователи рекомендуют использовать в селекции генетические маркеры молочной продуктивности. Имеющаяся частота встречаемости желательных аллелей позволяет вести направленную селекционную работу. Современные исследования Н. Попова (2022), Е. Можаяева, В. Шафирова, Н. Сердюка (2020), О.О. Гетокова, М.М. Шахмурзова, А.Ф. Шевхужева, Д.Р. Смакуев (2020) демонстрируют значительный эффект в молочном скотоводстве при использовании геномной селекции. По мнению многих исследователей, методы геномной селекции являются наиболее перспективными для устойчивого развития

молочного скотоводства. Таким образом, мониторинг генетического полиморфизма генов маркеров молочной продуктивности в Омской области не противоречит данным других исследователей и является перспективным направлением, позволяющим усовершенствовать селекционный процесс в молочном скотоводстве.

Заключение

В результате проведенных исследований представлен анализ мониторинга генетического полиморфизма по генам, ассоциированным с улучшением качественных характеристик молока крупного рогатого скота в Омской области. Результаты данной работы имеют большое практическое значение, поскольку отбор животных для разведения с учетом генотипов будет способствовать улучшению биологических характеристик коров в регионе.

Заключение комитета по этике. Исследование проводили в соответствии с требованиями Европейской конвенции о защите позвоночных животных, используемых для экспериментов или в научных целях (ETS № 123, Страсбург, 1986) и Приказа МЗ РФ № 708 Н от 28 августа 2010 г.

Информация о конфликте интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Информация о спонсорстве. Исследование выполнено в рамках государственного задания Министерства сельского хозяйства Российской Федерации № 124053100054-5.

Список литературы

1. Дерюгина, А. В., Иващенко, М. Н., Метелин, В. Б. и др. (2023). Влияние технологического стресса на неспецифическую резистентность организма коров. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(3), 26–40. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-3-26-40>. EDN: <https://elibrary.ru/RJKSHF>
2. Дунин, И. М., Тяпугин, С. Е., Семенова, Н. В. и др. (2024). Эффективность селекции молочного скота при использовании различных методов прогноза племенной ценности. *Молочное и мясное скотоводство*, (2), 3–5. <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.18.25.001>. EDN: <https://elibrary.ru/VEEIZS>
3. Иванова, И. П. (2024). Генетические особенности коров голштинской породы в Омской области. *Вестник Омского государственного аграрного университета*, (3(55)), 74–79. EDN: <https://elibrary.ru/HSXABJ>

4. Исупова, Ю. В., & Ачкасова, Е. В. (2021). Перспективы использования оценки геномной племенной ценности в селекции молочного скота в условиях Удмуртской Республики. *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*, (4(90)), 307–311. EDN: <https://elibrary.ru/YYBQKA>
5. Карымсаков, Т. Н. (2021). Эффективность использования в селекции молочного скота методов индексной оценки. *Вестник аграрной науки*, (3(90)), 89–93. <https://doi.org/10.17238/issn2587-666X.2021.3.89>. EDN: <https://elibrary.ru/LWHGIU>
6. Олейник, С. А., Скрипкин, В. С., Лесняк, А. В. и др. (2023). Сравнительный анализ жирнокислотного состава молока коров красной степной породы в условиях разных природно-климатических зон Северного Кавказа. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 236–259. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-236-259>. EDN: <https://elibrary.ru/LZRJFA>
7. Попов, Н., Некрасов, А., & Федотова, Е. (2020). Генетическое маркирование в селекции скота. *Животноводство России*, (S2), 9–15. <https://doi.org/10.25701/ZZR.2020.47.51.002>. EDN: <https://elibrary.ru/ZXFJUR>
8. Скачкова, О. А., & Бригида, А. В. (2022). Селекция на повышение молочной продуктивности у крупного рогатого скота: значение генетических маркеров-предикторов. *Ветеринария и кормление*, (2), 47–49. <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-2-13>. EDN: <https://elibrary.ru/UKKPNR>
9. Суров, А. И., Шумаенко, С. Н., Омаров, А. А. и др. (2023). Использование метода генотипирования для отбора животных желательного типа. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 136–157. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-136-157>. EDN: <https://elibrary.ru/KLDNAL>
10. Чижова, Л. Н., Суржикова, Е. С., & Михайленко, Т. Н. (2020). Оценка генетического потенциала молодняка молочного скота по маркерным генам CSN3, GH, PIT-1, PRL. *Вестник Курской государственной сельскохозяйственной академии*, (6), 40–46. EDN: <https://elibrary.ru/SWRWQT>
11. Шевелева, О. М., Часовщикова, М. А., & Суханова, С. Ф. (2021). Продуктивные и некоторые биологические особенности генофондной породы скота салерс в условиях Западной Сибири. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 13(1), 156–173. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173>. EDN: <https://elibrary.ru/GERQEL>
12. Barkema, H. W., Von Keyserlingk, M. A. G., Kastelic, J. P., Lam, T. J. G. M., Luby, C., Roy, J. P., Kastelic, & Kelton, D. F. (2015). Invited review: Changes

- in the dairy industry affecting dairy cattle health and welfare. *Journal of Dairy Science*, 98(11), 7426–7445. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-9377>
13. Bijttebier, J., Hamerlinck, J., Moakes, S., Scollan, N., Van Meensel, J., & Lauwers, L. (2017). Low-input dairy farming in Europe: exploring a context-specific notion. *Agricultural Systems*, 156, 43–51. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2017.05.016>
 14. Borusiewicz, A., & Mazur, K. (2017). Environmental and economic conditioning of the breeding of dairy cattle. *Fresenius Environmental Bulletin*, 26(10), 5824–5832.
 15. Galloway, C., Conradie, B., Prozesky, H., & Esler, K. (2018). Opportunities to improve sustainability on commercial pasture-based dairy farms by assessing environmental impact. *Agricultural Systems*, 166, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2018.07.008>. EDN: <https://elibrary.ru/VHGAEG>
 16. Kharzhau, A., Batyrgaliyev, Y. A., & Bogolyubova, N. V. (2023). Features of feeding dairy cows of cattle. *Science and Education*, (2–3(71)), 44–51. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-2-3-44-51>. EDN: <https://elibrary.ru/XASXYG>
 17. Naumenkova, V. A., Khrabrova, L. A., & Atroshchenko, M. M. (2023). Analysis of the interconnection of stallion semen indicators with genetic markers of proteins. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 197–209. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-197-209>. EDN: <https://elibrary.ru/HURKBR>
 18. Rozhkova-Timina, I. O. (2023). Feed allowance for Holstein cows during lactation and dry periods (Sakhalin island). *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 56–73. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-56-73>. EDN: <https://elibrary.ru/IHVNLN>
 19. Sedykh, T. A., Kalashnikova, L. A., Dolmatova, I. Yu., et al. (2023). Developing meat productivity in bull calves of different DGAT1 genotypes. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(3), 155–174. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174>. EDN: <https://elibrary.ru/XIBFND>
 20. Sheveleva, O. M., & Bakharev, A. A. (2022). Meat productivity of French-bred bulls due to adaptive technology in Western Siberia. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 14(4), 370–383. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2022-14-4-370-383>. EDN: <https://elibrary.ru/BNQCIU>

References

1. Deryugina, A. V., Ivashchenko, M. N., Metelin, V. B., et al. (2023). Effect of technological stress on nonspecific resistance of cows' organisms. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(3), 26–40. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-3-26-40>. EDN: <https://elibrary.ru/RJKSHF>

2. Dunin, I. M., Tyapugin, S. E., Semenova, N. V., et al. (2024). Efficiency of dairy cattle selection using different methods of breeding value prediction. *Milk and Meat Cattle Breeding*, (2), 3–5. <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.18.25.001>. EDN: <https://elibrary.ru/VEEIZS>
3. Ivanova, I. P. (2024). Genetic characteristics of Holstein cows in Omsk Oblast. *Bulletin of Omsk State Agrarian University*, (3(55)), 74–79. EDN: <https://elibrary.ru/HSXABJ>
4. Isupova, Yu. V., & Achkasova, E. V. (2021). Prospects for using genomic breeding value assessment in dairy cattle selection under conditions of the Udmurt Republic. *Proceedings of Orenburg State Agrarian University*, (4(90)), 307–311. EDN: <https://elibrary.ru/YYBQKA>
5. Karymsakov, T. N. (2021). Efficiency of using index assessment methods in dairy cattle breeding. *Bulletin of Agrarian Science*, (3(90)), 89–93. <https://doi.org/10.17238/issn2587-666X.2021.3.89>. EDN: <https://elibrary.ru/LWHGIU>
6. Oleynik, S. A., Skripkin, V. S., Lesnyak, A. V., et al. (2023). Comparative analysis of fatty acid composition of milk from Red Steppe cows under different natural and climatic zones of the North Caucasus. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 236–259. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-236-259>. EDN: <https://elibrary.ru/LZRJFA>
7. Popov, N., Nekrasov, A., & Fedotova, E. (2020). Genetic marking in cattle breeding. *Animal Husbandry of Russia*, (S2), 9–15. <https://doi.org/10.25701/ZZR.2020.47.51.002>. EDN: <https://elibrary.ru/ZXFJUR>
8. Skachkova, O. A., & Brigida, A. V. (2022). Selection for increased milk productivity in cattle: significance of genetic marker predictors. *Veterinary Medicine and Feeding*, (2), 47–49. <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2022-2-13>. EDN: <https://elibrary.ru/UKKPNR>
9. Surov, A. I., Shumaenko, S. N., Omarov, A. A., et al. (2023). Use of genotyping method for selection of animals of desired type. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 136–157. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-136-157>. EDN: <https://elibrary.ru/KLDNAL>
10. Chizhova, L. N., Surzhikova, E. S., & Mikhailenko, T. N. (2020). Assessment of genetic potential of young dairy cattle by marker genes CSN3, GH, PIT1, PRL. *Bulletin of Kursk State Agricultural Academy*, (6), 40–46. EDN: <https://elibrary.ru/SWRWQT>
11. Sheveleva, O. M., Chasovshchikova, M. A., & Sukhanova, S. F. (2021). Productive and some biological characteristics of the Salers cattle breed gene pool under conditions of Western Siberia. *Siberian Journal of Life Sciences and Ag-*

- riculture*, 13(1), 156–173. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173>. EDN: <https://elibrary.ru/GERQEL>
12. Barkema, H. W., Von Keyserlingk, M. A. G., Kastelic, J. P., Lam, T. J. G. M., Luby, C., Roy, J. P., Kastelic, & Kelton, D. F. (2015). Invited review: Changes in the dairy industry affecting dairy cattle health and welfare. *Journal of Dairy Science*, 98(11), 7426–7445. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-9377>
 13. Bijttebier, J., Hamerlinck, J., Moakes, S., Scollan, N., Van Meensel, J., & Lauwers, L. (2017). Low-input dairy farming in Europe: exploring a context-specific notion. *Agricultural Systems*, 156, 43–51. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2017.05.016>
 14. Borusiewicz, A., & Mazur, K. (2017). Environmental and economic conditioning of the breeding of dairy cattle. *Fresenius Environmental Bulletin*, 26(10), 5824–5832.
 15. Galloway, C., Conradie, B., Prozesky, H., & Esler, K. (2018). Opportunities to improve sustainability on commercial pasture-based dairy farms by assessing environmental impact. *Agricultural Systems*, 166, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2018.07.008>. EDN: <https://elibrary.ru/VHGAEG>
 16. Kharzhau, A., Batyrgaliyev, Y. A., & Bogolyubova, N. V. (2023). Features of feeding dairy cows of cattle. *Science and Education*, (2–3(71)), 44–51. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-2-3-44-51>. EDN: <https://elibrary.ru/XASXYG>
 17. Naumenkova, V. A., Khrabrova, L. A., & Atroshchenko, M. M. (2023). Analysis of the interconnection of stallion semen indicators with genetic markers of proteins. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 197–209. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-197-209>. EDN: <https://elibrary.ru/HURKBR>
 18. Rozhkova-Timina, I. O. (2023). Feed allowance for Holstein cows during lactation and dry periods (Sakhalin island). *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(4), 56–73. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-4-56-73>. EDN: <https://elibrary.ru/IHVNLN>
 19. Sedykh, T. A., Kalashnikova, L. A., Dolmatova, I. Yu., et al. (2023). Developing meat productivity in bull calves of different DGAT1 genotypes. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 15(3), 155–174. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174>. EDN: <https://elibrary.ru/XIBFND>
 20. Sheveleva, O. M., & Bakharev, A. A. (2022). Meat productivity of French-bred bulls due to adaptive technology in Western Siberia. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 14(4), 370–383. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2022-14-4-370-383>. EDN: <https://elibrary.ru/BNQCIU>

ВКЛАД АВТОРОВ

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку статьи для публикации.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

The authors contributed equally to this article.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРАХ

Иванова Ирина Петровна, канд. с.-х. наук, доцент, доцент кафедры разведения и генетики сельскохозяйственных животных
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина»
пл. Институтская, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
ir.ivanova@omgau.org

Юрченко Елена Николаевна, канд. с.-х. наук, доцент, заведующая кафедрой разведения и генетики сельскохозяйственных животных
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина»
пл. Институтская, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
en.yurchenko@omgau.org

Оконешникова Юлия Андреевна, ассистент кафедры разведения и генетики сельскохозяйственных животных
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина»
пл. Институтская, 1, г. Омск, 644008, Российская Федерация
yua.okontshnikova@omgau.org

DATA ABOUT THE AUTHORS

Irina P. Ivanova, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Associate Professor of the Department of Breeding and Genetics of Farm Animals
Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Square, Omsk, 644008, Russian Federation

ip.ivanova@omgau.org

SPIN-code: 4502-2120

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5700-9186>

Scopus Author ID: 57212277573

Elena N. Yurchenko, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Head of the Department of Breeding and Genetics of Farm Animals
Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Square, Omsk, 644008, Russian Federation
en.yurchenko@omgau.org
SPIN-code: 5242-1428
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7602-8099>

Yuliya A. Okoneshnikova, Assistant of the Department of Breeding and Genetics of Farm Animals
Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin
1, Institutskaya Square, Omsk, 644008, Russian Federation
en.yurchenko@omgau.org
SPIN-code: 4889-7952
ORCID: <https://orcid.org/0009-0009-3615-6342>

Поступила 14.12.2024

После рецензирования 11.01.2025

Принята 23.01.2025

Received 14.12.2024

Revised 11.01.2025

Accepted 23.01.2025