

Научная статья/Research article

УДК 636.2.082.12:575.113.2:636.234.1

DOI: 10.36718/1819-4036-2026-1-142-156

Игорь Сергеевич Недашковский^{1✉}, Александр Федорович Контэ²,
 Дмитрий Николаевич Кольцов³, Валерия Владимировна Волкова⁴,
 Александр Александрович Сермягин⁵

^{1,2,4}ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, Московская область, Россия³Смоленский НИИСХ – обособленное подразделение ФНЦ лубяных культур, Смоленск, Россия⁵Всероссийский НИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных, филиал ФИЦ животноводства – ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия¹nedashkovsky_is@mail.ru²alexandrconte@ya.ru³koltsovdn@yandex.ru⁴moonlit_elf@mail.ru⁵alex_sermyagin85@mail.ru

РАСЧЕТ ВЛИЯНИЯ УРОВНЯ ГОМОЗИГОТНОСТИ И ГЕНОМНОГО ИНБРИДИНГА НА ПРИЗНАКИ ЭКСТЕРЬЕРА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ ДИСПЕРСИОННЫМ АНАЛИЗОМ

Цель исследований – оценить влияние уровня гомозиготности (C_a) и геномного инбридинга (F_{ROH}) посредством дисперсионного анализа на признаки экстерьера. Для оценки влияния F_{ROH} использованы данные по SNP-маркерам 356 быков-производителей, далее F_{ROH} присваивался дочерям ($n = 42248$). F_{ROH} рассчитывали как отношение суммы всех длин паттернов гомозиготности (ROH) в миллионах пар нуклеотидов (м.п.н.) в геноме быка-производителя к общему размеру генома в м.п.н., для 29 аутосом крупного рогатого скота, перекрываемых SNPs, выраженному в процентах. Для расчета влияния инбридинга (F_x) использовали 355 быков и 42 246 дочерей, C_a по STR-маркерам 342 быков и 39 749 дочерей. F_x рассчитывали по формуле Райта – Кисловского, уровень C_a – как отношение количества гомозиготных локусов к общему количеству анализируемых локусов. Для экстерьерного профиля использовалась методика Союз «Мосплем». По F_x значения $p = 0,000$ для большинства признаков. Наиболее выраженное влияние наблюдается на показатели по системе «А» туловище ($R^2 = 0,033$) и общую оценку ($R^2 = 0,026$). По STR наиболее чувствительными оказались показатели молочного типа «Б» ($R^2 = 0,00374$) и телосложения ($R^2 = 0,00369$), что подтверждается высокими значениями F-критерия (74,71 и 73,52 соответственно). В значениях коэффициента детерминации – сильное влияние на молочный тип и туловище; умеренное воздействие на конечности ($R^2 = 0,00158$) и вымя ($R^2 = 0,00294$) и минимальное влияние на статические показатели (высота, см, – $R^2 = 0,00028$). Статистическая значимость подтверждается – $p < 0,0001$. По SNP все показатели демонстрируют $p < 0,000001$, R^2 показывают, что сильное влияние на показатели молочного типа ($R^2 = 0,030$) и общую оценку ($R^2 = 0,030$); умеренное влияние на высоту в холке ($R^2 = 0,023$) и туловище ($R^2 = 0,026$) и минимальное влияние на признаки постановки конечностей и параметры сосков (R^2 от 0,0001 до 0,005). Полученные результаты могут быть использованы для оптимизации селекционного процесса и контроля уровня инбридинга в стаде.

Ключевые слова: молочный скот, дисперсионный анализ, экстерьер молочного скота, геномный инбридинг, гомозиготность, F_{ROH} , C_a , F_x

Для цитирования: Недашковский И.С., Контэ А.Ф., Кольцов Д.Н., и др. Расчет влияния уровня гомозиготности и геномного инбридинга на признаки экстерьера крупного рогатого скота молочного направления продуктивности дисперсионным анализом // Вестник КрасГАУ. 2026. № 1. С. 142–156. DOI: 10.36718/1819-4036-2026-1-142-156.

Финансирование: исследования выполнены в рамках госзадания № 124020200029-4 (FGGN-2024-0013).

Igor Sergeevich Nedashkovsky^{1✉}, Alexander Fedorovich Konte², Dmitry Nikolaevich Koltsov³, Valeria Vladimirovna Volkova⁴, Alexander Aleksandrovich Sermyagin⁵

^{1,2,4}FRC for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Dubrovitsy, Moscow Region, Russia

³Smolensk Research Institute of Agriculture – a separate division of the Federal Scientific Center for Bast Crops, Smolensk, Russia

⁵All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, branch of the FRC of Animal Husbandry – All-Russian Research Institute of Animal Husbandry named after Academician L.K. Ernst, Pushkin, St. Petersburg, Russia

¹nedashkovsky_is@mail.ru

²alexandrconte@ya.ru

³koltsovdm@yandex.ru

⁴moonlit_elf@mail.ru

⁵alex_sermyagin85@mail.ru

CALCULATION OF THE INFLUENCE OF THE LEVEL OF HOMOZYGOSITY AND GENOMIC INBREEDING ON THE EXTERIOR TRAITS OF DAIRY CATTLE PRODUCTIVITY BY VARIANCE ANALYSIS

The aim of this study is to evaluate the influence of the level of homozygosity (Ca) and genomic inbreeding (F_{ROH}) on conformation traits using analysis of variance. To assess the influence of F_{ROH} , data on SNP markers from 356 sires were used; F_{ROH} was then assigned to daughters ($n = 42,248$). F_{ROH} was calculated as the ratio of the sum of all lengths of homozygosity patterns (ROH) in million nucleotide pairs (mb) in the sire genome to the total genome size in mb for 29 bovine autosomes overlapping SNPs, expressed as a percentage. To calculate the influence of inbreeding (Fx), 355 bulls and 42,246 daughters were used, and Ca for STR markers from 342 bulls and 39,749 daughters. Fx was calculated using the Wright – Kislovsky formula, and the Ca level was calculated as the ratio of the number of homozygous loci to the total number of loci analyzed. The Soyuz Mosplem method was used for the conformation profile. For Fx , p values = 0.000 for most traits. The most pronounced effect was observed on the "A" system scores for body ($R^2 = 0.033$) and the overall score ($R^2 = 0.026$). According to STR, the most sensitive indicators were milk type "B" ($R^2 = 0.00374$) and body type ($R^2 = 0.00369$), which is confirmed by high values of the F-criterion (74.71 and 73.52, respectively). The values of the determination coefficient show a strong effect on the milk type and body; a moderate effect on the limbs ($R^2 = 0.00158$) and udder ($R^2 = 0.00294$) and a minimal effect on static indicators (height, cm, – $R^2 = 0.00028$). Statistical significance is confirmed – $p < 0.0001$. For SNP, all indicators demonstrate $p < 0.000001$, R^2 show that there is a strong effect on the milk type indicators ($R^2 = 0.030$) and the overall assessment ($R^2 = 0.030$); moderate effect on withers height ($R^2 = 0.023$) and body height ($R^2 = 0.026$) and minimal effect on limb position and teat parameters (R^2 from 0.0001 to 0.005). The obtained results can be used to optimize the selection process and control the level of inbreeding in the herd.

Keywords: dairy cattle, analysis of variance, dairy cattle conformation, genomic inbreeding, homozygosity, F_{ROH} , Ca , Fx

For citation: Nedashkovsky IS, Conte AF, Koltsov DN, et al. Calculation of the influence of the level of homozygosity and genomic inbreeding on the exterior traits of dairy cattle productivity by variance analysis. *Bulletin of KSAU*. 2026;(1):142-156. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2026-1-142-156.

Funding: research was carried out under state contract No. 124020200029-4 (FGGN-2024-0013).

Введение. Отечественными селекционерами установлено, что для повышения молочной продуктивности животных необходимо вести отбор по оценке удоев, где экстерьерные показатели не всегда учитываются [1, 2]. Однако данная позиция подвергается критике, поскольку

ку многочисленные исследования доказывают существенную взаимосвязь между экстерьерными характеристиками и продуктивными качествами животных. Эта связь обусловлена особенностями метаболических процессов в организме животных [3]. В других исследованиях отмечают, что необходим комплексный подход к селекционной работе, предполагающий учет множества факторов, влияющих на молочную продуктивность. Особое внимание следует уделять экстерьерным показателям, степени инбридности, взаимодействию различных генетических факторов и их совокупному влиянию на продуктивные качества [4, 5]. Объективная оценка экстерьера животных должна осуществляться на основе следующих промеров, коррелирующих с продуктивностью: высота в холке, глубина груди, косая длина туловища, обхват груди за лопатками и обхват пясти [6, 7]. При линейной же оценке экстерьера пользуются различными системами, основной из которых в Московской области является методика Союз «Мосплем».

В ходе комплексных исследований, реализованных на базе племенного хозяйства ООО «Племзавод им. Ленина», расположенного в Ковернинском районе Нижегородской области, был проведен детальный анализ влияния различных систем содержания на фенотипические характеристики первотелок голштинской породы. Методологической основой исследования послужил дисперсионный анализ, позволивший объективно оценить степень воздействия условий содержания на экстерьерные параметры животных. Полученные результаты демонстрируют выраженную корреляционную зависимость между системой содержания и морфологическими характеристиками исследуемых особей. Статистическая обработка данных выявила неоднородную картину влияния условий содержания на различные экстерьерные показатели. Наиболее существенной оказалась взаимосвязь между системой содержания и глубиной грудной клетки (коэффициент влияния 0,68), что классифицируется как воздействие средней интенсивности. Умеренное влияние (коэффициент 0,44) прослеживается в отношении длины сосков. Минимальные показатели влияния условий содержания зафиксированы по следующим параметрам: высота в холке (коэффициент 0,08); высота в крестце (0,07); протяженность туловища по косой линии (0,04); периметр грудной

клетки (0,06); ширина грудного отдела (0,004); обхват пястной области (0,02). Проведенная статистическая верификация подтвердила достоверность различий в воздействии условий содержания на такие показатели, как косая длина туловища, обхват грудной клетки, ширина груди и параметры вымени. Выявленная преобладающая роль условий содержания в формировании глубины грудной клетки может быть обусловлена особенностями двигательной активности животных в рамках различных систем содержания [8].

В рамках научно-исследовательской работы, проведенной на базе ведущих племенных предприятий Курганской области – ООО «Луч» и СПК «Племзавод «Разлив», были осуществлены комплексные исследования особенностей фенотипической характеристики коров-первотелок черно-пестрой и голштинской пород. В процессе изучения конституциональных особенностей животных применялся комплексный подход, включающий как анализ абсолютных морфологических показателей, так и оценку коррелятивных связей между анатомически сопряженными промерами. Результаты исследования демонстрируют высокую степень фенотипической однородности поголовья в хозяйстве ООО «Луч». Статистический анализ свидетельствует о незначительной вариабельности показателей телосложения, при этом коэффициент изменчивости большинства параметров не превышает порогового значения в 8 %. Особого внимания заслуживает выявленная зависимость между конституциональными особенностями животных и их репродуктивной функцией. Проведенные исследования убедительно доказывают необходимость учета типа телосложения при формировании племенных стад с высоким потенциалом молочной продуктивности. Количественная оценка влияния конституциональных особенностей на репродуктивные показатели свидетельствует о существенной корреляции на выход телят и составляет 2,1 % [9].

На основе научно-исследовательской работы, реализованной на базе ОАО «Племенной завод «Россия», расположенного в Челябинской области, был проведен углубленный анализ генетических детерминант формирования экстерьерных характеристик молодняка крупного рогатого скота. Объектом исследования выступали бычки, для которых была проведена комплексная оценка влияния линейной принадлеж-

ности и степени породности на морфологические показатели. Результаты статистического анализа продемонстрировали существенную роль генетических факторов в формировании фенотипических характеристик животных. Количественная оценка влияния различных генетических параметров показала следующие закономерности: линейная принадлежность определяет вариабельность промеров на уровне до 37 %; степень кровности оказывает более значительное воздействие, достигая 55 % влияния; в различные периоды индивидуального развития (онтогенеза) дисперсия промеров демонстрирует стабильную динамику. Примечательно, что влияние породной принадлежности демонстрирует превосходство над линейной принадлежностью в среднем на 19–20 %. Данная закономерность, по мнению авторов, обусловлена эффектом межпородного скрещивания и привнесением новых генетических компонент [10].

В рамках научно-исследовательской деятельности в Республике Калмыкия были реализованы два экспериментальных проекта, направленных на изучение влияния генетических и паратипических факторов на продуктивные качества молодняка крупного рогатого скота. Объектом исследования выступили три экспериментальные группы бычков численностью по 40 голов каждая, сформированные из новорожденного молодняка по принципу аналогов с учетом их происхождения: I группа – чистопородные представители калмыцкой породы; II группа – помесные животные первого поколения (красный абердин-ангус × калмыцкая порода); III группа – помесные животные второго поколения (красный абердин-ангус × калмыцкая порода). В ходе статистической обработки полученных данных методом дисперсионного анализа было установлено дифференцированное воздействие кормовых факторов на различные показатели селекции. Проведенные исследования выявили высокодостоверную корреляцию ($P < 0,01$ – $0,001$) между типом кормления и следующими параметрами: динамика живой массы животных; интенсивность среднесуточного прироста; качественные характеристики мясных форм прижизненной оценки [11].

Исследования, проведенные в племенных хозяйствах Ленинградской области по разведению айрширской породы молочного скота, установили, что разница между коэффициентами силы влияния кровностей на признаки экстерьера по

айрширскому скоту финской и канадской селекции колеблется от 7,9 до 18,7 ед., а на индекс строения вымени и индекс строения конечностей равна 6,6 и 3,5 ед. Анализ совместного влияния генетического материала айрширской породы финского и канадского происхождения демонстрирует разнонаправленный характер воздействия на фенотипические характеристики животных. Установлено, что при оценке линейных параметров наблюдается снижение совокупного влияния кровности по указанным селекционным типам, тогда как при исследовании экстерьерных индексов отмечается усиление данного эффекта. Полученные результаты указывают на необходимость дифференцированного подхода к селекционной работе при совершенствовании экстерьерных характеристик стада. Для оптимизации отдельных фенотипических признаков рекомендуется проводить детальный анализ генеалогической структуры животных с учетом доли кровности по родственным породам айрширской группы; процентного соотношения генетического материала финской селекции; вклада канадской селекционной линии и возможных комбинаций указанных селекционных типов. Особую значимость приобретает учет генетического потенциала пробандов при планировании селекционных мероприятий [12].

В рамках последних научно-исследовательских работ, проведенных на поголовье первотелок голштинской породы черно-пестрой масти, была подтверждена существенная роль линейной принадлежности в формировании экстерьерных характеристик животных. Статистическая обработка полученных данных методами дисперсионного анализа позволила выявить значимые корреляционные связи между линейной принадлежностью и рядом морфологических показателей. Установлено, что линейная принадлежность оказывает высокодостоверное влияние ($p \leq 0,001$) на комплексную оценку телосложения животных. Детальный анализ выявил наиболее существенные эффекты линейной принадлежности на следующие параметры экстерьера: высота в крестце; положение зада; высота развития задних долей вымени; длина сосков; ширина зада и угол задних ног сбоку. По указанным показателям установлена высокая степень статистической значимости ($p \leq 0,01$). При этом влияние линейной принадлежности на прочие признаки экстерьера также подтверждено, однако характеризуется меньшей силой кор-

реляционной связи. Корреляционный анализ с применением критерия Фишера продемонстрировал наличие достоверной положительной взаимосвязи между линейной принадлежностью и показателями типа телосложения животных [13, 14].

Исследований, направленных на изучение влияния уровня гомозиготности и геномного инбридинга на признаки экстерьера, не оказалось, в связи с чем наша работа имеет научную новизну и актуальность, исходя из сложившейся мировой тенденции на увеличение процента инбридинга из-за ограниченного числа производителей, используемых в селекции в связи с ориентацией на лидеров популяции.

Цель исследования – оценка влияния уровня гомозиготности и геномного инбридинга, на признаки экстерьера по средствам дисперсионного анализа.

Задачи: оценка генетического влияния путем вычисления коэффициента инбридинга (F_x) у племенных быков-производителей и последующего анализа его воздействия на экстерьерные признаки их дочерей; исследование аутомного влияния через анализ воздействия собственного коэффициента инбридинга коров на их фенотипические проявления признаков экстерьера.

Полученные результаты будут использованы для формирования теоретической базы исследования и углубления понимания механизмов наследования экстерьерных признаков в популяциях с различной степенью родства: генетический мониторинг посредством определения уровня гомозиготности племенных быков с использованием STR-маркеров с последующим анализом, направленным на выявление влияния молекулярно-генетических характеристик производителей на экстерьерные признаки у их дочерей; расчет влияния геномного инбридинга, рассчитанного по SNP-маркерам, на признаки экстерьера дочерей.

Объекты и методы. Исследования проведены на дочерях (первотелках) генотипированных быков-производителей голштинской и черно-пестрой пород. В рамках молекулярно-генетического исследования был проведен комплексный анализ уровня гомозиготности (C_a) у быков-производителей молочного направления продуктивности (черно-пестрой и голштинской пород), представленных в племенных хозяйствах Московской области ($n = 341$). Методология исследования включала несколько этапов. Выде-

ление нуклеиновых кислот осуществлялось методом колоночной хроматографии с применением специализированных наборов Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Германия). Исходным материалом служила сперма племенных быков, обработка которой проводилась согласно протоколу производителя; генотипирование животных выполнялось с использованием мультиплексной панели микросателлитных маркеров (STR-локусов), включающей 12 генетических маркеров: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225, BM1824. Анализ генетических маркеров проводился на автоматизированном капиллярном секвенаторе ABI 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Life technologies, США). Определение длины аллельных вариантов осуществлялось с помощью программного обеспечения Gene Mapper v.4 (Applied Biosystems). Статистический анализ полученных данных выполнялся в программе GenAlEx 6.5.1, что позволило провести всестороннюю оценку генетической структуры исследуемой популяции [15]. Методика расчета индивидуальной гомозиготности базировалась на определении соотношения количества гомозиготных локусов к общему числу анализируемых маркеров. При этом учитывались только локусы с полноформатными данными, исключая позиции с нулевыми аллелями (0/0). Классификация результатов проводилась путем распределения всего массива данных ($n = 39749$ дочерей) на три основные группы по уровню гомозиготности: группа 1 – полностью гетерозиготные особи ($C_a = 0 \%$); группа 2 – особи со средним уровнем гомозиготности ($C_a = 8\text{--}50 \%$); группа 3: особи с высоким уровнем гомозиготности ($C_a = 55\text{--}77 \%$).

В рамках молекулярно-генетического исследования была сформирована репрезентативная выборка племенных быков ($n = 356$), представляющих популяции крупного рогатого скота Московской области. Геномный анализ осуществлялся с применением современных методов высокопроизводительного генотипирования. Исходным материалом послужили образцы дезоксирибонуклеиновой кислоты (ДНК), выделенные из биологического материала исследуемых особей. Генотипирование животных проводилось с использованием специализированного биочипа Illumina Bovine SNP50K v2 BeadChip, обеспечивающего анализ 54 609 однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Данный

подход позволил получить детальную информацию о генетической структуре исследуемой популяции на уровне однонуклеотидных замен. Анализ гомозиготных участков генома осуществлялся посредством выявления регионов протяженной (паттернов) гомозиготности (Runs Of Homozygosity, ROH). Статистическая обработка полученных данных проводилась с применением программного обеспечения Plink версии 1.9, что позволило провести комплексный анализ паттернов гомозиготности в геномах исследуемых особей [16]. В ходе реализации молекулярно-генетического исследования был проведен детальный анализ ROH в геномах племенных быков-производителей. Методологическая основа исследования базировалась на применении специализированного программного обеспечения sgaTOH, предназначенного для комплексного анализа паттернов гомозиготности [17]. В рамках молекулярно-генетического исследования был разработан комплексный подход к выявлению и количественной оценке ROH в геномах племенных быков-производителей. Критерии идентификации ROH включали следующие параметры: наличие как минимум 15 последовательных гомозиготных однонуклеотидных полиморфизмов (SNP); минимальная плотность маркеров – 1 SNP на каждые 100 kb; максимально допустимый промежуток между маркерами – 1000 kb. Алгоритм количественной оценки геномного инбридинга, основанный на анализе протяженных участков гомозиготности (ROH), включает следующие компоненты: определение суммарной протяженности всех идентифицированных ROH-участков в геноме, измерение длины выявленных гомозиготных регионов в миллионах пар нуклеотидов, анализ 29 аутомсомных хромосом крупного рогатого скота, покрытых SNP-маркерами. При этом он базируется на принципе расчета процентного соотношения, где числителем выступает суммарная длина всех обнаруженных ROH-участков, а знаменателем является общий размер исследуемого генома. Результат выражается в процентном соотношении. Особенности методологии учитывали ограничения различных типов генотипирования: панель средней плотности (50K) характеризуется переоценкой коротких ROH (1–4 млн пар нуклеотидов); панель высокой плотности (600K, Bovine HD) демонстрирует недооценку ROH протяженностью более 8 млн пар нуклеотидов [18]. В связи с этим при работе с

50K панелью особое внимание уделялось выявлению ROH размером более 4 млн пар нуклеотидов для обеспечения корректности оценки [19]. Классификация популяционных данных проводилась на основе распределения массива потомков ($n = 42248$) по величине коэффициента инбридинга, определенного по ROH (FROH), унаследованного от отцов: группа 1 – FROH = 0,55–4,19 %; группа 2 – FROH = 4,2–7,59 %; группа 3 – FROH = 7,65–10,87 %; группа 4 – FROH = 10,89–17,71 %.

В рамках математико-статистического анализа генетических параметров популяций был применен классический метод расчета коэффициента инбридинга (F_x) на основе родословных данных. Теоретическая база наших исследования опирается на модифицированную формулу Райта–Кисловского, адаптированную для процентного выражения генетического родства [20]

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n+n_1-1} \cdot (1 + f_a) \right] \cdot 100, \quad (1)$$

где F_x – количественная оценка степени инбридинга исследуемого индивидуума; f_a – коэффициент инбридинга общего предка, имеющего собственное инбредное происхождение; n – количество поколений от общего родоначальника по материнской линии; n_1 – количество поколений от общего родоначальника по отцовской линии.

Статистическая выборка включала 355 быков-производителей, для которых был проведен расчет коэффициента инбридинга. Полученные значения F_x были экстраполированы на массив их потомства ($n = 42246$). Классификация данных осуществлялась путем стратификации популяции по уровню инбридинга: группа 1 – ауtbредные особи ($F_x = 0$ %); группа 2 – отдаленный инбридинг ($F_x = 0,1$ –3,125 %); группа 3 – умеренный инбридинг ($F_x = 3,126$ –6,25 %); группа 4 – близкий инбридинг ($F_x \geq 6,26$ %).

В соответствии с методологией, разработанной Союзом «Мосплем», применялась комплексная система оценки экстерьера животных (ОТТ), базирующаяся на стобалльной шкале. Система оценки «А» представляет собой интегральный показатель, включающий четыре ключевых компонента экстерьерной характеристики животных: молочный тип – оценка морфологических признаков, характерных для животных молочного направления продуктивности; конечности – анализ строения и постановки конечностей

тей; туловище – характеристика общих пропорций и развития корпуса; вымя – оценка развития и функциональных качеств молочной железы. Дополнительно рассчитывается показатель «общей оценки», который отражает степень выраженности типичных черт телосложения в исследуемой группе животных. Оценка по системе Б, базирующаяся на девятибалльной шкале оценки, предусматривает детальный анализ семнадцати ключевых признаков экстерьера: высота в крестце, глубина туловища, ширина зада, положение зада и крепость телосложения, угол задних ног сбоку, скакательный сустав сзади, высота пятки и постановка задних ног сзади, прикрепление передних долей вымени, центральная связка вымени, высота задних долей вымени, глубина вымени, молочный тип, длина сосков, расположение передних сосков и длина передних долей вымени [21].

В рамках статистического анализа генетических данных нами был применен дисперсионный анализ как методологический инструмент для количественной оценки влияния инбридинга как фиксированного фактора на исследуемые фенотипические признаки. Статистическая обработка осуществлялась с использованием программного обеспечения Statistica 10.

Математическая модель однофакторного дисперсионного анализа описывается следующим уравнением:

$$x_{ik} = a + m_i + \varepsilon_{ik}, \quad (2)$$

где a – генеральное среднее значение (математическое ожидание) всей выборки наблюдений $M(X)$; m_i – эффект воздействия i -го уровня фактора A на исследуемый признак X , представляющий собой отклонение математического ожидания a_i при i -м уровне фактора от общего среднего значения a , то есть $m_i = a_i - a$; ε_{ik} – случайная компонента, отражающая совокупное влияние неконтролируемых факторов на значение признака x_{ik} .

При принятии гипотезы о равенстве дисперсий между группами предпочтительным методом оценки дисперсии является использование взвешенного среднего выборочных дисперсий. Этот подход позволяет уменьшить влияние выбросов и сделать оценку более точной при условии равенства дисперсий [22].

Дисперсионный анализ представляет собой фундаментальный математический инструмент,

базирующийся на методологии статистической проверки гипотез и предназначенный для исследования влияния различных факторов на исследуемые случайные величины [23].

Общая дисперсия признака определялась по формуле

$$D_{\text{общ}} = \frac{\sum (x_i - \bar{x})^2}{n-1}, \quad (3)$$

где x_i – значение признака у i -го животного; среднее значение признака по выборке; n – объем выборки.

Факторная дисперсия (влияние инбридинга)

$$D_F = \frac{\sum (\bar{x}_j - \bar{x})^2}{r-1}, \quad (4)$$

где: \bar{x}_j – среднее значение признака в j -й группе; r – количество групп.

Остаточная дисперсия (случайные факторы)

$$D_F = \frac{\sum (x_i - \bar{x}_j)^2}{n-r}. \quad (5)$$

Оценка значимости различий: F -критерий Фишера рассчитывается как отношение факторной и остаточной дисперсий:

$$F = \frac{MS_F}{MS_O}, \quad (6)$$

где MS_F и MS_O – средние квадраты факторной и остаточной дисперсии соответственно.

Определение силы влияния фактора: Коэффициент детерминации (R^2) показывает долю дисперсии, обусловленную влиянием фактора инбридинга:

$$R^2 = \frac{SS_F}{SS_{\text{общ}}}, \quad (7)$$

где SS_F – сумма квадратов отклонений для фактора; $SS_{\text{общ}}$ – общая сумма квадратов отклонений.

Результаты и их обсуждение. Результаты дисперсионного анализа влияния «классического» расчета инбридинга быков по данным родового учета позволяют получить несколько иные выводы о влиянии инбридинга, рассчитанного по Райту – Кисловскому на экстерьерные признаки дочерей (табл. 1). Наше исследование охватывает 23 показателя, включая общие характеристики телосложения, параметры вымени и отдельных частей тела.

**Результаты дисперсионного анализа влияния фактора «инбридинг» быков
на признаки экстерьера дочерей**
**Results of the analysis of variance of the influence of the "inbreeding" factor of bulls
on the exterior traits of daughters**

Номер признака	Множественный R	Множественный R ²	Скорректированный R ²	SS (F)	N (F)	MS (F)	SS (O)	N (O)	MS (O)	F	p
1	0,158	0,025	0,025	5929,8	3	1976,6	230258,0	42241	5,5	362,6	0,000
2	0,181	0,033	0,033	7462,9	3	2487,6	220632,7	42241	5,2	476,3	0,000
3	0,108	0,012	0,012	2714,3	3	904,8	231227,0	42241	5,5	165,3	0,000
4	0,138	0,019	0,019	3954,3	3	1318,1	204115,5	42241	4,8	272,8	0,000
5	0,161	0,026	0,026	4317,1	3	1439,0	163018,8	42241	3,9	372,9	0,000
6	0,102	0,010	0,010	9819,0	3	3273,0	926945,3	42241	21,9	149,2	0,000
7	0,090	0,008	0,008	669,1	3	223,0	82459,1	42241	2,0	114,2	0,000
8	0,122	0,015	0,015	689,2	3	229,7	45898,9	42241	1,1	211,4	0,000
9	0,033	0,001	0,001	87,2	3	29,1	80490,7	42241	1,9	15,3	0,000
10	0,063	0,004	0,004	201,5	3	67,2	50412,0	42241	1,2	56,3	0,000
11	0,028	0,001	0,001	47,2	3	15,7	59283,6	42241	1,4	11,2	0,000
12	0,047	0,002	0,002	191,1	3	63,7	87740,3	42241	2,1	30,7	0,000
13	0,033	0,001	0,001	69,6	3	23,2	62035,4	42241	1,5	15,8	0,000
14	0,030	0,001	0,001	58,9	3	19,6	63575,9	42241	1,5	13,1	0,000
15	0,040	0,002	0,002	63,4	3	21,1	40259,0	42241	1,0	22,2	0,000
16	0,012	0,000	0,000	8,3	3	2,8	62118,4	42241	1,5	1,9	0,130
17	0,028	0,001	0,001	41,7	3	13,9	54375,2	42241	1,3	10,8	0,000
18	0,025	0,001	0,001	28,7	3	9,6	45912,2	42241	1,1	8,8	0,000
19	0,038	0,001	0,001	88,0	3	29,3	60004,3	42241	1,4	20,7	0,000
20	0,052	0,003	0,003	157,3	3	52,4	58060,3	42241	1,4	38,2	0,000
21	0,083	0,007	0,007	270,5	3	90,2	38529,7	42241	0,9	98,8	0,000
22	0,054	0,003	0,003	152,9	3	51,0	53250,6	42241	1,3	40,4	0,000
23	0,017	0,000	0,000	16,3	3	5,4	55682,6	42241	1,3	4,1	0,006

Здесь и далее: 1 – молочный тип; 2 – туловище; 3 – конечности; 4 – вымя; 5 – общая оценка; 6 – высота, см; 7 – высота в крестце; 8 – глубина туловища; 9 – положение зада; 10 – ширина зада; 11 – угол задних ног (вид сбоку); 12 – высота пятки; 13 – постановка задних ног сзади; 14 – прикрепление передних долей; 15 – высота задних долей; 16 – центральная связка; 17 – глубина вымени; 18 – расположение передних сосков; 19 – длина сосков; 20 – крепость; 21 – молочный тип; 22 – длина передних долей; 23 – скакательный сустав (вид сзади). Множественный R – множественный коэффициент корреляции, характеризует тесноту связи между зависимой переменной и предиктором; множественный R² – коэффициент детерминации; скорректированный R² – коэффициент детерминации, скорректированный на число факторов; SS(F) – внутригрупповая изменчивость; SS(O) – дисперсия ошибки; MS (F) – межгрупповой разброс факториальной дисперсии (называемый средним квадратом эффекта); MS (O) – межгрупповой разброс остаточной дисперсии (или дисперсии ошибки), степень свободы (F) – число степеней свободы для фактора (эффекта); (N (F) = r – 1; в нашем исследовании число фактора (эффектов) r = 4, следовательно N (F) = 4 – 1 = 3; степень свободы (O) – число степеней свободы для остаточной (случайной) дисперсии (N (O) = N – r; в нашем исследовании число наблюдений N = 42245, следовательно n(o) = 42245 – 4 = 42241; F-критерий оценивает статистическую значимость различия средних в группах; p – вероятность ошибочного результата.

Значимость влияния фактора подтверждается крайне низкими значениями p-уровня (p = 0,000 для большинства признаков), что указывает на статистическую достоверность полученных результатов. Наиболее выраженное влияние наблюдается на показатели по системе «А» туловище (R² = 0,033) и общую оценку (R² = 0,026).

Умеренное влияние отмечается на молочный тип (R² = 0,025). Минимальное влияние зафиксировано на показатели системы «Б», касающиеся постановки конечностей, и некоторые параметры вымени.

Коэффициент детерминации (R²) варьируется от 0,0001 до 0,033, что указывает на относи-

тельно слабое влияние инбридинга на изучаемые признаки. Внутригрупповая изменчивость (SS (F)) максимальна для высоты в холке и минимальна для некоторых параметров вымени. Межгрупповой разброс факториальной дисперсии (MS (F)) показывает также наибольшую вариабельность для высоты в холке.

Таким образом, наблюдается неоднородная реакция различных признаков на инбридинг, и наиболее чувствительными к инбридингу оказались показатели, связанные с молочностью и общим развитием. Параметры, связанные с постановкой конечностей и некоторыми деталями

вымени, демонстрируют меньшую генетическую обусловленность.

Для научного задела был проведен дисперсионный анализ расчета влияния собственного инбридинга коров на оценку типа телосложения, он демонстрирует умеренную статистическую значимость влияния классического инбридинга непосредственно самих коров на собственные экстерьерные признаки (табл. 2). Большинство показателей демонстрируют значимые различия ($p < 0,05$), за исключением нескольких признаков с $p > 0,05$.

Таблица 2

**Результаты дисперсионного анализа влияния фактора «инбридинг» коров
на признаки экстерьера**
**Results of the analysis of variance of the influence of the "inbreeding" factor of cows
on the exterior traits**

Номер признака	Множественный R	Множественный R ²	Скорректированный R ²	SS (F)	N (F)	MS (F)	SS (O)	N (O)	MS (O)	F	p
1	0,0719	0,0052	0,0050	291,3	3	97,1	56001,4	14066	4,0	24,4	0,00
2	0,0702	0,0049	0,0047	263,5	3	87,8	53125,8	14066	3,8	23,3	0,00
3	0,0592	0,0035	0,0033	213,7	3	71,2	60742,6	14066	4,3	16,5	0,00
4	0,0574	0,0033	0,0031	174,5	3	58,2	52754,1	14066	3,8	15,5	0,00
5	0,0735	0,0054	0,0052	209,0	3	69,7	38485,4	14066	2,7	25,5	0,00
6	0,0611	0,0037	0,0035	889,1	3	296,4	237057	14066	16,9	17,6	0,00
7	0,0586	0,0034	0,0032	76,6	3	25,5	22215,6	14066	1,6	16,2	0,00
8	0,0229	0,0005	0,0003	7,4	3	2,5	14173,5	14066	1,0	2,5	0,06
9	0,0161	0,0003	0,0000	6,9	3	2,3	26446,9	14066	1,9	1,2	0,30
10	0,0232	0,0005	0,0003	9,0	3	3,0	16738,4	14066	1,2	2,5	0,06
11	0,0163	0,0003	0,0001	5,7	3	1,9	21387,6	14066	1,5	1,3	0,29
12	0,0251	0,0006	0,0004	17,7	3	5,9	27924,9	14066	2,0	3,0	0,03
13	0,0223	0,0005	0,0003	10,2	3	3,4	20532,0	14066	1,5	2,3	0,07
14	0,0104	0,0001	-0,0001	2,4	3	0,8	22174,2	14066	1,6	0,5	0,68
15	0,0209	0,0004	0,0002	5,8	3	1,9	13332,1	14066	0,9	2,0	0,11
16	0,0305	0,0009	0,0007	20,8	3	6,9	22367,3	14066	1,6	4,4	0,00
17	0,0223	0,0005	0,0003	7,9	3	2,6	15877,2	14066	1,1	2,3	0,07
18	0,0137	0,0002	0,0000	2,9	3	1,0	15628,3	14066	1,1	0,9	0,45
19	0,0221	0,0005	0,0003	10,4	3	3,5	21286,3	14066	1,5	2,3	0,08
20	0,0243	0,0006	0,0004	11,2	3	3,7	18995,5	14066	1,4	2,8	0,04
21	0,0271	0,0007	0,0005	9,4	3	3,1	12805,3	14066	0,9	3,4	0,02
22	0,0213	0,0005	0,0002	7,9	3	2,6	17538,4	14066	1,2	2,1	0,09
23	0,0172	0,0003	0,0001	5,5	3	1,8	18549,8	14066	1,3	1,4	0,24

Примечание: множественный R – множественный коэффициент корреляции, характеризует тесноту связи между зависимой переменной и предиктором; множественный R² – коэффициент детерминации; скорректированный R² – коэффициент детерминации, скорректированный на число факторов; SS (F) – внутригрупповая изменчивость; SS (O) – дисперсия ошибки; MS (F) – межгрупповой разброс факториальной дисперсии (называемый средним квадратом эффекта); MS (O) – межгрупповой разброс остаточной дисперсии (или дисперсии ошибки), степень свободы (F) – число степеней свободы для фактора (эффекта) $N(F) = r - 1$; в нашем исследовании число фактора (эффектов) $r = 4$, следовательно $N(F) = 4 - 1 = 3$; степень свободы (O) – число степеней свободы для остаточной (случайной) дисперсии $N(O) = N - r$; в нашем исследовании число наблюдений $N = 14070$, следовательно $n(o) = 14070 - 4 = 14066$; F-критерий оценивает статистическую значимость различия средних в группах, p – вероятность ошибочного результата.

Коэффициент детерминации (R^2) варьируется от крайне низких значений (0,0001 для признака прикрепление передних долей вымени) до относительно высоких (0,0054 для признака общая оценка (система «А»), что указывает на разную степень влияния инбридинга на различные признаки экстерьера.

Также для «чистоты» расчета был произведен дисперсионный анализ влияния собственного инбридинга коров на оценку типа телосложения без нулевых значений коэффициента инбридинга. Подобным расчетом мы нивелируем возможные неточности (человеческий фактор) допущенные при формировании баз данных племенного учета, а именно исключаем возможность неверного трактования как $F_x = 0\%$, если это просто отсутствие данных, и в графе коэффициента инбридинга поставили тоже «0». В данном расчете мы сохранили исходные группы, изменив только первую, в нее вошли животные с $F_x 0,1-1\%$, весь массив данных составил 6495 голов животных. Результаты анализа показали, что к большинству значимых

различий ($p < 0,05$) показателей (табл. 2) добавились еще два: глубина туловища и ширина зада.

Полученные результаты свидетельствуют о том, что классический инбридинг оказывает неоднородное влияние на различные экстерьерные признаки. Значимые эффекты наблюдаются преимущественно по показателям, связанным с молочностью и общим развитием животного. Слабая корреляционная связь (множественный R в пределах 0,01–0,07) указывает на то, что инбридинг является лишь одним из факторов, влияющих на формирование экстерьера.

Немаловажным является знание влияния гомозиготности, рассчитанного по STR-маркерам, на признаки экстерьера (табл. 3). Микросателлиты, помимо возможности использования для определения чистопородности, можно использовать для оценки уровня гомозиготности, так как они позволяют получить этот показатель напрямую, без необходимости в информации о родословной.

Таблица 3

**Результаты дисперсионного анализа влияния фактора
«гомозиготность по STR-маркерам» быков на признаки экстерьера
Results of the analysis of variance of the influence of the factor
"homozygosity for STR markers" of bulls on the exterior traits**

Номер признака	Множественный R	Множественный R^2	Скорректированный R^2	SS (F)	N (F)	MS (F)	SS (O)	N (O)	MS (O)	F	p
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0,06120	0,00374	0,00369	773,3	2	386,66	205724,2	39748	5,18	74,71	0,0000
2	0,06071	0,00369	0,00364	711,1	2	355,54	192229,4	39748	4,84	73,52	0,0000
3	0,03972	0,00158	0,00153	328,7	2	164,35	207985,6	39748	5,23	31,41	0,0000
4	0,05420	0,00294	0,00289	535,3	2	267,66	181722,0	39748	4,57	58,55	0,0000
5	0,05999	0,00360	0,00355	517,5	2	258,75	143285,6	39748	3,60	71,78	0,0000
6	0,01675	0,00028	0,00023	238,1	2	119,07	848411,3	39748	21,34	5,58	0,0037
7	0,01230	0,00015	0,00010	11,5	2	5,77	76264,7	39748	1,92	3,01	0,0494
8	0,02497	0,00062	0,00057	26,7	2	13,36	42819,8	39748	1,08	12,40	0,0000
9	0,00722	0,00005	0,00000	4,0	2	1,99	76409,0	39748	1,92	1,03	0,3552
10	0,01066	0,00011	0,00006	5,4	2	2,69	47323,3	39748	1,19	2,26	0,1045
11	0,01632	0,00027	0,00022	14,8	2	7,41	55638,7	39748	1,40	5,30	0,0050
12	0,00807	0,00007	0,00001	5,4	2	2,70	83029,8	39748	2,09	1,29	0,2740
13	0,02569	0,00066	0,00061	37,4	2	18,71	56677,2	39748	1,43	13,12	0,0000
14	0,00330	0,00001	-0,00004	0,7	2	0,33	59791,4	39748	1,50	0,22	0,8054
15	0,04228	0,00179	0,00174	66,7	2	33,34	37239,7	39748	0,94	35,59	0,0000
16	0,00648	0,00004	-0,00001	2,4	2	1,21	57791,8	39748	1,45	0,83	0,4340
17	0,01838	0,00034	0,00029	17,1	2	8,56	50659,3	39748	1,27	6,72	0,0012
18	0,02615	0,00068	0,00063	29,4	2	14,69	42951,0	39748	1,08	13,60	0,0000
19	0,01069	0,00011	0,00006	6,5	2	3,23	56599,8	39748	1,42	2,27	0,1031
20	0,01058	0,00011	0,00006	6,1	2	3,07	54927,5	39748	1,38	2,22	0,1081

Окончание табл. 3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
21	0,02705	0,00073	0,00068	26,4	2	13,22	36119,1	39748	0,91	14,55	0,0000
22	0,00869	0,00008	0,00003	3,8	2	1,89	50093,0	39748	1,26	1,50	0,2230
23	0,03657	0,00134	0,00129	70,3	2	35,15	52500,4	39748	1,32	26,61	0,0000

Примечание: множественный R – множественный коэффициент корреляции, характеризует тесноту связи между зависимой переменной и предиктором; множественный R^2 – коэффициент детерминации; скорректированный R^2 – коэффициент детерминации, скорректированный на число факторов; $SS(F)$ – внутригрупповая изменчивость; $SS(O)$ – дисперсия ошибки; $MS(F)$ – межгрупповой разброс факториальной дисперсии (называемый средним квадратом эффекта); $MS(O)$ – межгрупповой разброс остаточной дисперсии (или дисперсии ошибки), степень свободы (F) – число степеней свободы для фактора (эффекта) ($N(F) = r - 1$; в нашем исследовании число фактора (эффектов) $r = 3$, следовательно $N(F) = 3 - 1 = 2$; степень свободы (O) – число степеней свободы для остаточной (случайной) дисперсии ($N(O) = N - r$; в нашем исследовании число наблюдений $N = 39751$, следовательно $n(o) = 39751 - 3 = 39748$; F -критерий оценивает статистическую значимость различия средних в группах; p – вероятность ошибочного результата.

Общая тенденция влияния уровня гомозиготности, рассчитанного по микросателлитным маркерам, характеризуется как умеренно-негативная, с различной степенью выраженности для разных признаков. Наиболее чувствительными к нему оказались показатели молочного типа ($R^2 = 0,00374$) и телосложения ($R^2 = 0,00369$), что подтверждается высокими значениями F -критерия (74,71 и 73,52 соответственно). Дифференцированное воздействие фактора гомозиготности проявляется в существенном разбросе значений коэффициента детерминации: сильное влияние на молочный тип и туловище; умеренное воздействие на конечности ($R^2 = 0,00158$) и вымя ($R^2 = 0,00294$) и минимальное влияние на статические показатели (высота в см – $R^2 = 0,00028$). Статистическая значимость же результатов подтверждается низкими значениями p -уровня для большинства признаков ($p < 0,0001$). Однако выявлены от-

дельные показатели с более высокими значениями вероятности ошибки: положение зада ($p = 0,3552$), угол задних ног ($p = 0,1045$) и длина сосков ($p = 0,1031$). Полученные результаты указывают на то, что уровень гомозиготности рассчитанный по STR-маркерам, в первую очередь влияет на комплексные признаки, определяющие тип телосложения и молочность животных, в то время как статические параметры демонстрируют большую устойчивость к данному фактору.

Проведенный дисперсионный анализ по оценке уровня влияния геномного инбридинга (F_{ROH}) быков, рассчитанного по данным SNP-чипов высокой плотности, на различные признаки экстерьера коров является наиболее точным из всех приведенных ранее расчетов, так как он основан на геномных данных – паттернах гомозиготности (табл. 4).

Таблица 4

**Результаты дисперсионного анализа влияния фактора
«геномный инбридинг» быков на признаки экстерьера
Results of the analysis of variance of the influence
of the "genomic inbreeding" factor of bulls on the exterior traits**

Номер признака	Множественный R	Множественный R^2	Скорректированный R^2	$SS(F)$	$N(F)$	$MS(F)$	$SS(O)$	$N(O)$	$MS(O)$	F	p
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0,169	0,028	0,028	6716,2	3	2238,8	229479,7	42243	5,4	412,1	0,00000
2	0,160	0,026	0,026	5860,2	3	1953,4	222240,2	42243	5,3	371,3	0,00000
3	0,141	0,020	0,020	4668,8	3	1556,3	229286,9	42243	5,4	286,7	0,00000
4	0,151	0,023	0,023	4750,9	3	1583,6	203320,1	42243	4,8	329,0	0,00000
5	0,174	0,030	0,030	5085,2	3	1695,1	162252,6	42243	3,8	441,3	0,00000
6	0,151	0,023	0,023	21394,2	3	7131,4	915540,1	42243	21,7	329,0	0,00000
7	0,149	0,022	0,022	1849,6	3	616,6	81292,1	42243	1,9	320,4	0,00000

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
8	0,079	0,006	0,006	288,5	3	96,2	46301,8	42243	1,1	87,7	0,00000
9	0,048	0,002	0,002	189,1	3	63,0	80393,4	42243	1,9	33,1	0,00000
10	0,025	0,001	0,001	31,3	3	10,4	50586,7	42243	1,2	8,7	0,00001
11	0,019	0,000	0,000	22,3	3	7,5	59309,6	42243	1,4	5,3	0,00117
12	0,031	0,001	0,001	81,9	3	27,3	87874,4	42243	2,1	13,1	0,00000
13	0,043	0,002	0,002	113,5	3	37,8	61992,9	42243	1,5	25,8	0,00000
14	0,049	0,002	0,002	154,2	3	51,4	63485,3	42243	1,5	34,2	0,00000
15	0,055	0,003	0,003	123,2	3	41,1	40199,7	42243	1,0	43,2	0,00000
16	0,029	0,001	0,001	52,8	3	17,6	62077,2	42243	1,5	12,0	0,00000
17	0,044	0,002	0,002	105,1	3	35,0	54317,9	42243	1,3	27,2	0,00000
18	0,042	0,002	0,002	82,5	3	27,5	45858,8	42243	1,1	25,3	0,00000
19	0,028	0,001	0,001	48,0	3	16,0	60045,9	42243	1,4	11,3	0,00000
20	0,051	0,003	0,003	151,7	3	50,6	58068,4	42243	1,4	36,8	0,00000
21	0,068	0,005	0,005	181,8	3	60,6	38618,5	42243	0,9	66,3	0,00000
22	0,023	0,001	0,000	28,5	3	9,5	53375,8	42243	1,3	7,5	0,00005
23	0,021	0,000	0,000	25,3	3	8,5	55674,5	42243	1,3	6,4	0,00024

Примечание: множественный R – множественный коэффициент корреляции, характеризует тесноту связи между зависимой переменной и предиктором, множественный R^2 – коэффициент детерминации; скорректированный R^2 – коэффициент детерминации; скорректированный на число факторов; $SS(F)$ – внутригрупповая изменчивость; $SS(O)$ – дисперсия ошибки; $MS(F)$ – межгрупповой разброс факториальной дисперсии (называемый средним квадратом эффекта), $MS(O)$ – межгрупповой разброс остаточной дисперсии (или дисперсии ошибки), степень свободы (F) – число степеней свободы для фактора (эффекта); $N(F) = r - 1$; в нашем исследовании число фактора (эффектов) $r = 4$, следовательно $N(F) = 4 - 1 = 3$; степень свободы (O) – число степеней свободы для остаточной (случайной) дисперсии $N(O) = N - r$; в нашем исследовании число наблюдений $N = 42247$, следовательно $n(o) = 42247 - 4 = 42243$; F -критерий оценивает статистическую значимость различия средних в группах; p – вероятность ошибочного результата.

Полученные данные обладают высоким уровнем значимости, что подтверждается крайне низкими значениями p -критерия ($p < 0,000001$). Данная статистическая достоверность свидетельствует о наличии существенной причинно-следственной связи между исследуемым фактором геномного инбридинга и фенотипическими признаками, исключая влияние случайных флуктуаций. Анализ позволил оценить силу влияния инбридинга на различные экстерьерные показатели посредством коэффициентов детерминации (R^2). Сильное воздействие наблюдается на показатели молочного типа и общую оценку телосложения ($R^2 = 0,030$), что указывает на существенную зависимость данных признаков от уровня геномного инбридинга. Умеренное влияние зафиксировано в отношении высоты в холке ($R^2 = 0,023$) и развития туловища ($R^2 = 0,026$), что свидетельствует о значимом, но менее выраженном эффекте. Минимальное воздействие установлено в отношении показателей постановки конечностей и параметров сосков (R^2 варьируется в диапазоне от

0,0001 до 0,005), что указывает на относительно слабую зависимость данных признаков от уровня геномного инбридинга.

Полученные результаты свидетельствуют о том, что геномный инбридинг оказывает значимое влияние на показатели, связанные с молочной продуктивностью; умеренное воздействие на общие параметры телосложения и минимальное влияние на структурные характеристики конечностей и вымени. Таким образом, наблюдается закономерность: признаки, имеющие более высокую наследственную обусловленность (молочный тип, общие пропорции), более чувствительны к влиянию инбридинга. При этом признаки телосложения, формирующиеся под влиянием как генетических, так и средовых факторов, демонстрируют меньшую реакцию на данный фактор.

Заключение. Классический инбридинг оказывает статистически значимое влияние на экстерьерные признаки коров, хотя и относительно слабое. Наиболее чувствительными к инбридингу являются показатели, связанные с молоч-

ностью и общим развитием животных. Наблюдается значительная вариабельность реакции различных признаков на инбридинг, что требует индивидуального подхода при селекционной работе. Это что касается влияния инбридинга, полученного классическим расчетом по данным родословного учета непосредственно самих коров на признаки экстерьера.

Если же рассматривать данное влияние через отца, то инбридинг, рассчитанный по родословным данным, оказывает статистически значимое, но относительно слабое влияние на изучаемые признаки экстерьера. В этом случае наибольший потенциал для селекционной работы представляют показатели молочного типа и общих пропорций тела. Признаки, касающиеся конечностей и вымени, требуют иных подходов к селекции, так как менее подвержены влиянию инбридинга.

Гомозиготность по микросателлитам, как видно, оказывает статистически значимое влияние на большинство экстерьерных признаков коров, хотя и в разной степени. Наиболее зависимыми от нее являются признаки, определяющие молочный тип и телосложение животных. Признаки, связанные с конституцией и статическими параметрами, демонстрируют меньшую реакцию на инбридинг.

Проведенное исследование также позволяет заключить, что и геномный инбридинг оказывает разнонаправленное влияние на различные признаки экстерьера коров, причем степень этого влияния зависит от наследственной обусловленности конкретного признака.

В целом же полученные результаты могут быть использованы для оптимизации селекционного процесса и контроля уровня инбридинга в стаде с целью минимизации его негативного влияния на ценные признаки животных.

Список источников

1. Абугалиев С.К. Продуктивные и экстерьерные показатели коров голштинской породы, разводимой в ТОО «СП Первомайский» // Зоотехния. 2017. № 10. С. 2–5.
2. Костомахин Н.М., Замятина Т.Г. Экстерьерные особенности и молочная продуктивность первотелок различного происхождения // Главный зоотехник. 2011. № 10. С. 13–18.
3. Прахов А.Л., Басонов О.А. Молочная продуктивность и селекционно-генетические параметры черно-пестрых коров отечественной и датской селекций // Аграрная наука. 2005. № 3. С. 22–24.
4. Лешонок О.И., Новиков А.В. Взаимосвязь экстерьера и молочной продуктивности коров-первотелок // Агропродовольственная политика России. 2014. № 4. С. 49–52.
5. Басонов О.А., Шмелева Е. Характеристика и взаимосвязь хозяйственно-полезных признаков голштинизированных коров рекордисток черно-пестрой породы Нижегородской области // Вестник Нижегородской государственной сельскохозяйственной академии. 2012. № 2. С. 23–29.
6. Чижик И.А. Конституция и экстерьер сельскохозяйственных животных. Ленинград: Колос, 1979. 376 с.
7. Овчинникова Л.Ю., Бабич Е.А. Экстерьерные особенности коров первого отела в зависимости от кровности по голштинской породе // Advances in agricultural and biological sciences. 2016. Т. 2, № 1. С. 13–18.
8. Басонов О.А., Кулаткова А.С. Взаимосвязь экстерьерных и интерьерных показателей с молочной продуктивностью коров голштинской породы // Нива Поволжья. 2023. № 2 (66). С. 2001.
9. Кахикало В.Г., Лещук Т.Л. Воспроизводительная способность черно-пестрых коров в зависимости от типа телосложения // Достижения науки и техники АПК. 2015. Т. 29, № 5. С. 80–82.
10. Гриценко С.А. Влияние линейной принадлежности и кровности по голштинской породе на показатели продуктивности бычков // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2012. № 4 (36). С. 117–119.
11. Амерханов Х.А., Каюмов Ф.Г., Герасимов Н.П., и др. Влияние генотипа и фактора кормления на продуктивность чистопородных и помесных бычков в условиях Калмыкии // Известия ТСХА. 2018. № 2. С. 86–98.
12. Тулинова О.В. Связь экстерьерной оценки с кровностью по родственным породам, участвующим в формировании генотипа животных // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2020. № 3 (51). С. 185–191.

13. Контэ А.Ф. Генетическая изменчивость оценки телосложения коров - первотелок голштинской черно-пестрой породы разных линий // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2021. № 3 (55). С. 191–199.
14. Контэ А.Ф. Взаимосвязь признаков экстерьера первотелок черно-пестрой породы разной линейной принадлежности // Пермский аграрный вестник. 2023. № 2 (42). С. 97–104.
15. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. P. 2537–2539.
16. Chang C.C., Chow C.C., Tellier L., et al. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets // GigaScience. 2015. Vol. 4, N 7.
17. Zhang L., Orloff M.S., Reber S., et al. CgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity // PLoS ONE. 2013. Vol. 8, № 3. P. e57772.
18. Purfield C., Berry D., McParland S., et al. Runs of homozygosity and population history in cattle // BMC Genetics. 2012. Vol. 13, N 70.
19. Смарагдов М.Г., Кудинов А.А. Полногеномная оценка инбридинга у молочного скота // Достижения науки и техники АПК. 2019. Т. 33, № 6. С. 51–53.
20. Ерохин А.И., Солдатова А.П., Филатов А.И. Инбридинг и селекция животных. М.: Агропромиздат, 1985. 157 с.
21. Янчуков И.Н., Ермилов А.Н., Ермилов А.А., и др. План селекционной племенной работы с крупным рогатым скотом АО «Московское» по племенной работе. М.: Яппи, 2020. 123 с.
22. Кобзарь А.И. Прикладная математическая статистика. М.: Физматлит, 2006. 816 с.
23. Юденков В.А. Дисперсионный анализ. Минск: Бизнесофсет, 2013. 76 с.

References

1. Abugaliev SK. Productive and exterior indicators of holstein cows breeding in TOO "SP Pervomaysky". *Zootekhnika*. 2017;10:2-5. (In Russ.).
2. Kostomakhin NM, Zamyatina TG. Ekster'yernyye osobennosti i molochnaya produktivnost' pervotelok razlichnogo proiskhozhdeniya. *Glavnyy zootekhnik*. 2011;10:13-18. (In Russ.).
3. Prakhov AL, Basonov OA. Molochnaya produktivnost' i selektsionno-geneticheskiye parametry chernopestrykh korov otechestvennoy i datskoy selektsiy. *Agrarnaya nauka*. 2005;3:22-24. (In Russ.).
4. Leshonok OI, Novikov AV. Vzaimosvyaz' ekster'yera i molochnoy produktivnosti korov-pervotelok. *Agroprodovol'stvennaya politika Rossii*. 2014;4:49-52. (In Russ.).
5. Basonov OA, Shmeleva E. Kharakteristika i vzaimosvyaz' khozyaystvenno-poleznykh priznakov golshtinizirovannykh korov rekordistok cherno-pestroy porody Nizhegorodskoy oblasti. *Vestnik Nizhegorodskoy gosudarstvennoy sel'skokhozyaystvennoy akademii*. 2012;2:23-29. (In Russ.).
6. Chizhik IA. *Konstitutsiya i ekster'yer sel'skokhozyaystvennykh zhivotnykh*. Leningrad: Kolos; 1979. 376 p. (In Russ.).
7. Ovchinnikova LU, Babich EA. Exterior peculiarities of the first calving cows depending on the pedigree of the holstein breed. *Advances in agricultural and biological sciences*. 2016;2(1):13-18. (In Russ.).
8. Basonov OA, Kulatkova AS. Correlation between exterior and interior indicators and milk yield of holstein cows. *Niva Povolzhya*. 2023;2(66):2001. (In Russ.). DOI: 10.36461/NP.2023.66.2.009.
9. Kahikalo VG, Leshchuk TL. Reproductive ability of black-and-white cows depending on body type. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2015;29(5):80-82. (In Russ.).
10. Gritsenko SA. Effect of linear belonging and holstein thorough-breediness of steers on their performance indices. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2012;4(36):117-119. (In Russ.).
11. Amerkhanov KhA, Kayumov FG, Gerasimov NP, et al. Impact of genotype and feeding factor on the breeding value of purebred and crossbreed bull-calves in Kalmykia. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2018;2:86-98. (In Russ.). DOI: 10.26897/0021-342X-2018-2-86-98.
12. Tulinova OV. Link between outline evaluation and blood relationship cousinsly breed, froming animal genotype. *Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy*. 2020;3(51):185-191. (In Russ.). DOI: 10.18286/1816-4501-2020-3-185-191.

13. Konte AF. Genetic variability of constitution assessment of first-calf cows of holstein black-spotted breed of different lines. *Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy*. 2021;3(55):191-199. (In Russ.). DOI: 10.18286/1816-4501-2021-3-191-199.
14. Konte AF. Interrelation of exterior features of cow-heifers of black-and-white breed with different linear affiliation. *Perm Agrarian Journal*. 2023;2(42):97-104. (In Russ.). DOI: 10.47737/2307-2873_2023_42_97.
15. Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and researchan update. *Bioinformatics*. 2012;28:2537-2539. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.
16. Chang CC, Chow CC, Tellier L, et al. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience*. 2015;4(7). DOI: 10.1186/s13742-015-0047-8.
17. Zhang L, Orloff MS, Reber S, et al. CgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity. *PLoS ONE*. 2013;8(3):e57772. DOI: 10.1371/journal.pone.0057772.
18. Purfield C, Berry D, McParland S, et al. Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics*. 2012;13(70). DOI: 10.1186/1471-2156-13-70.
19. Smaragdov MG, Kudinov AA. Full genome inbreeding assessment of dairy cattle. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2019;33(6):51-53. (In Russ.). DOI: 10.24411/0235-2451-2019-10612.
20. Erokhin AI, Soldatova AP, Filatov AI. Inbriding i selektsiya zhivotnykh. Moscow: Agropromizdat; 1985. 157 p. (In Russ.).
21. Yanchukov IN, Ermilov AN, Ermilov AA, et al. Plan selektsionnoy plemennoy raboty s krupnym rogatym skotom AO «Moskovskoye» po plemennoy rabote». Moscow: Yappi; 2020. 123 p. (In Russ.).
22. Kobzar AI. Prikladnaya matematicheskaya statistika. Moscow: Fizmatlit; 2006. 816 p. (In Russ.).
23. Yudenkov VA. Dispersionnyy analiz. Minsk: Biznesofset; 2013. 76 p. (In Russ.).

Статья принята к публикации 11.11.2025 / The article accepted for publication 11.11.2025.

Информация об авторах:

Игорь Сергеевич Недашковский, старший научный сотрудник, заведующий отделом национального каталога Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных, кандидат биологических наук

Александр Федорович Контэ, старший научный сотрудник отдела популяционной генетики и генетических основ разведения животных, кандидат сельскохозяйственных наук

Дмитрий Николаевич Кольцов, директор, доктор биологических наук

Валерия Владимировна Волкова, старший научный сотрудник лаборатории ДНК-технологий в животноводстве, кандидат биологических наук

Александр Александрович Сермягин, директор, кандидат сельскохозяйственных наук

Information about the authors:

Igor Sergeevich Nedashkovsky, Senior Researcher, Head of the National Catalog Department, National Center for Farm Animal Genetic Resources, Candidate of Biological Sciences

Alexander Fedorovich Konte, Senior Researcher, Department of Population Genetics and Genetic Foundations of Animal Breeding, Candidate of Agricultural Sciences

Dmitry Nikolaevich Koltsov, Director, Doctor of Biological Sciences

Valeria Vladimirovna Volkova, Senior Researcher, Laboratory of DNA Technologies in Animal Husbandry, Candidate of Biological Sciences

Alexander Aleksandrovich Sermiyagin, Director, Candidate of Agricultural Sciences