

Показатели оценки племенной ценности по линейной оценке экстерьера в зависимости от коэффициента инбридинга и уровня гомозиготности

И. С. Недашковский[✉], А. Ф. Контэ¹, А. А. Сермягин¹

¹ Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика

Л. К. Эрнста, Дубровицы, Россия

✉ E-mail: nedashkovsky_is@mail.ru

Аннотация. Цель исследований – провести анализ оценки влияния коэффициента инбридинга, рассчитанного по формуле Райта – Кисловского, и уровня гомозиготности по *STR*-маркерам на показатели оценки племенной ценности по линейной оценке экстерьера. **Методы исследований.** Объектом исследования служили дочери ($n = 42245$) 355 быков-производителей черно-пестрого и голштинского скота Московской области. Расчет производился с учетом не менее 10 дочерей на быка-производителя. Весь массив данных для *EBV* составил 42 076 голов крупного рогатого скота для 318 быков-отцов и был разделен на четыре группы относительно F_x : в первую входили аутбредные животные (0 %), во вторую – с $F_x = 0...3,125$, в третью – с $F_x = 3,126...6,25$, в четвертую – с $F_x \geq 6,25$, в пятую – все животные, кроме аутбредных. Для расчета по *STR* общая выборка составила 306 быков-производителей для 39 590 дочерей. Так, в первую группу вошли гетерозиготные особи $Ca = 0$ %, во вторую – особи с $Ca = 8...50$ %, в третью – с $Ca = 55...77$ %, группу сравнения составляли особи, имеющие $Ca = 8...77$ %, что в среднем по выборке 28,74 %. **Результаты.** Отмечено отсутствие достоверной разности между исследуемыми группами животных по «классическому» расчету посредством градации коэффициента инбридинга, за исключением глубины туловища от $-0,039$ до $0,141$, угла задних ног сбоку от $-0,073$ до $0,073$, длины сосков от $-0,064$ до $0,096$, крепости от $-0,02$ до $0,076$ и молочного типа от $-0,018$ до $0,222$ ($p < 0,05 - p < 0,001$) по системе оценки «Б». Результаты расчетов по *STR*-маркерам имели схожие зависимости: угол задних ног вид сбоку от $-0,055$ в первой группе до $0,109$ в третьей, расположение передних сосков от $-0,129$ до $0,179$. Коэффициент регрессии увеличивался наряду с минимальным количеством дочерей по показателям угол задних ног сбоку, высота задних долей и глубина вымени. **Научная новизна** заключается в том, что впервые в России будет исследовано влияние оценки племенной ценности по линейной оценке экстерьера в зависимости от коэффициента инбридинга и уровня гомозиготности, рассчитанного по *STR*-маркерам.

Ключевые слова: черно-пестрый скот, голштинский скот, оценка типа телосложения, гомозиготность, оценка племенной ценности, стати экстерьера, инбридинг, микросателлиты, F_x , *EBV*, *ОТТ*, *КРС*, *STR*.

Для цитирования: Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Сермягин А. А. Показатели оценки племенной ценности по линейной оценке экстерьера в зависимости от коэффициента инбридинга и уровня гомозиготности // Аграрный вестник Урала. 2023. № 01 (230). С. 55–65. DOI: 10.32417/1997-4868-2023-230-01-55-65.

Дата поступления статьи: 23.09.2022, **дата рецензирования:** 13.10.2022, **дата принятия:** 31.10.2022.

Постановка проблемы (Introduction)

Уровень исследований сегодняшнего дня дает возможность с высокой точностью формировать желаемые черты животного как на индивидуальном, так и на популяционном уровне в целом. Ведение селекционной работы всегда тесно взаимосвязано и затрагивает такую традиционную область в разведении как инбридинг, без учета которого не возможно формирование будущих лидеров популяции, если мы говорим о линейном разведении. Вли-

яние уровня инбридинга на основные показатели продуктивности и воспроизводства описаны многочисленными отечественными и зарубежными исследователями [1, с. 8604; 2, с. 421; 3, с. 2492]. Высокая степень оказывает негативное воздействие, а использование линейного разведения в умеренной степени родства не ведет к регрессу, а, наоборот, оказывает благоприятное влияние на продуктивность, консолидирует наследственность, закрепляет желаемые черты [4, с. 20].

Влияние инбридинга, а следовательно, накопление уровня гомозиготности на оценку племенной ценности (*EBV*) по основным показателям молочной продуктивности и воспроизводительных качеств исследовано нами ранее. Так увеличение на 10 % степени гомозиготности связано с уменьшением генетических и фенотипических показателей удою на 25 и 43 кг за 305 дней лактации, соответственно, снижением выхода количества молочного жира и белка, в т. ч. по *EBV*, на 0,3...1,0 кг соответственно, падением живой массы на 1,0 кг. Вместе с этим продолжительность сервис-периода и число дойных дней сокращаются на 1–2 дня соответственно [5, с. 40].

Несмотря на простоту возможности проведения подобного исследования, на первый взгляд, влияние инбридинга на показатели оценки типа телосложения и *EBV* по *ОТТ* исследованы в меньшей степени и описаны лаконично. Так, в одной из последних работ Н. А. Попов, используя расчет коэффициента инбридинга по формуле Райта – Кисловского, показал, что крепостью конституции оказалась лучше у потомков аутбредных быков-производителей, а показатели выраженности молочного типа — у дочерей инбредных быков-производителей, разница оказалась статистически достоверной ($P < 0,01$) [6, с. 16].

Помимо обеспечения более мощных мер для выявления инбредной депрессии, геномные данные открывают дополнительные возможности для изучения генетического фона инбридинга. Так, длину *ROH* (Runs of homozygosity) можно использовать для изучения влияния возраста инбридинга на проявления инбредной депрессии в дополнение к уже существующим методам, основанным на родословных данных. Недавний инбридинг может быть более вредным, чем инбридинг, совершенный много поколений назад [7, с. 11; 8, с. 8; 9, с. 2681].

Расчеты с использованием информации по генотипу более точные, чем по родословной, поскольку не зависят от полноты и качества последней [10, с. 926].

Исходя из вышеизложенного целью нашего исследования являлось изучение взаимосвязи коэффициента инбридинга, рассчитанного по данным родословного учета, и уровня гомозиготности (*Ca*), рассчитанного по *STR*-маркерам, черно-пестрых и голштинских быков-производителей, используемых в хозяйствах Подмосковья с признаками телосложения дочерей.

Методология и методы исследования (Methods)

Объектом исследования служили дочери ($n = 42\ 245$) 355 быков-производителей черно-пестрого и голштинского скота Московской области. Используются коэффициенты инбридинга F_x быков-производителей. При расчете коэффициента инбридинга использовались четыре ряда предков. Непосред-

ственно сам коэффициент инбридинга рассчитывали по формуле Райта – Кисловского (1) с умножением на 100 % для процентного выражения [11, с. 22]:

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

где F_x – коэффициент инбридинга анализируемого животного;

f_a – коэффициент инбридинга для общего предка, который, в свою очередь, был инбридирован;

n – число предков от общего родоначальника по материнской линии;

n_1 – число предков от общего родоначальника по отцовской линии;

\sum – знак суммирования.

Задействованы показатели экстерьерера 42 245 дочерей исследуемых быков, участвующих в случной сети региона. Весь массив данных ранжировался на группы в зависимости от коэффициента инбридинга с шагом в 3,125 %. Оценка статей проводилась по двум системам: системе «А», включающей стобалльную оценку, и системе «Б», имеющей девятибалльный номинал. В систему «А» входили следующие показатели: молочный тип, туловище, конечности, вымя и высота (балл). В систему «Б» входили глубина туловища, положение зада, угол задних ног сбоку, высота пятки, постановка задних ног (вид сзади), прикрепление передних долей вымени, высота задних долей вымени, центральная связка, глубина вымени, расположение передних сосков, длина сосков, крепость, молочный тип, длина передних долей вымени, скакательный сустав (вид сзади). Основной упор делался на различие в группах между дочерьми аутбредных быков с группой инбредных животных, по средствам расчета среднего коэффициента инбридинга по исследуемой части выборки. Среднее значение показателей экстерьерера формировалось с учетом не менее чем 10 дочерей на одного быка-производителя. Общая выборка составила 42 076 животных для 318 быков. Регрессионный анализ и описательную статистику с достоверностью разности между исследуемыми группами по Стьюденту проводили в Statistica v.10.

Использован уровень гомозиготности 306 быков-производителей черно-пестрого и голштинского скота Московской области, рассчитанный по *STR*-маркерам.

Выделение геномной ДНК проводили из спермы быков с помощью колонок Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. В качестве ДНК-маркеров использовалась мультиплексная панель из 12 микросателлитных локусов: *TGLA227*, *BM2113*, *TGLA53*, *ETH10*, *SPS115*, *TGLA122*, *INRA23*, *TGLA126*, *BM1818*, *ETH3*, *ETH225*, *BM1824*. Продукты амплификации для их последующей детекции подвергались анализу на капиллярном гене-

тическом анализаторе ABI 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Life technologies, США). Информация о длине аллелей по исходным данным получена в программе Gene Mapper v. 4 (Applied Biosystems, Life technologies, США). Статистическую обработку данных осуществляли с помощью программы GenAEx 6.50 [12]. Непосредственный расчет индивидуальной гомозиготности производили как отношение количества гомозиготных локусов к общему количеству анализируемых локусов, причем использовали локусы с полными данными. Локусы *STR*-маркеров, в которых значились нулевые аллели 0/0, не принимались в расчет при отношении к количеству гомозиготных вариантов.

Задействованы показатели экстерьерера 39 749 дочерей-первотелок исследуемых быков, участвующих в случайной сети региона. Весь массив данных ранжировался на группы, которые обусловлены поиском оптимального уровня оценки влияния уровня гомозиготности на показатели экстерьерера и удобны для дальнейшей визуализации при проведении анализа. Так, в первую группу вошли гетерозиготные особи $Ca = 0\%$, во вторую – особи с $Ca = 8...50\%$, в третью – с $Ca = 55...77\%$, группу сравнения составляли особи, имеющие $Ca = 8...77\%$, что в среднем по выборке равно $30,29\%$. Группа сравнения (**Ca**) создана для оценки гетерозиготных и гомозиготных животных имеющих любой уровень Ca , кроме 0% . Среднее значение показателей экстерьерера для расчетов оценки племенной ценности формировалось с учетом не менее чем 10 дочерей на одного быка-производителя. Общая выборка составила 39 590 животных для 306 быков.

Линейную оценку экстерьерного профиля исследуемой популяции животных проводили в соответствии с методикой НП «Мосплемиформ» [13].

Значения генетических коварианс и вариантов признаков экстерьерера получены на основе применения уравнения смешанной модели (2) с использованием программной оболочки REMLF90 [14]:

$$Y_{psk} = \mu + HYS_n + B_1 YFL_m + B_2 DAL_m + B_3 Fx_m + Sire_l + eff_{psk}, \quad (2)$$

где Y_{psk} – анализируемый показатель оценки телосложения n -й коровы первого отела;

μ – популяционная константа;

$B_{1,2,3}$ – коэффициенты линейной регрессии;

DAL – день лактации k -й первотелки на момент оценки;

HYS_n – установленный эффект n -го стада, год и сезон отела;

Fx – уровень инбридинга, рассчитанный по формуле Райта – Кисловского;

YFL – возраст первого отела m -й коровы;

eff_{psk} – эффект не учитываемых факторов;

$Sire_l$ – произвольный эффект l -го отца-быка.

Так как в нашей задаче исследуются несколько независимых переменных, то, принимая во внимание, что между ожиданием и каждой из перемен-

ных (k) существует линейная зависимость, тогда модель множественной линейной регрессии имеет следующий вид (3):

$$Y = b_0 + b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n. \quad (3)$$

где $b_0, b_1, b_2, \dots, b_n$ – коэффициенты регрессии,

x_1, x_2, \dots, x_n – независимые переменные.

В таком случае b_0 – это сдвиг, а b_1 является отклонением прямой Y , зависимой от переменной x_1 , если независимые переменные x_2, \dots, x_n служат константами; b_2 как отклонение прямой Y , зависимой от переменной x_2 , если переменные x_1, \dots, x_n – константы; b_n является отклонением прямой Y , зависимой от переменной x_n , если объясняющие переменные x_1, x_2, \dots, x_{n-1} являются константами.

Значения коэффициентов регрессии будут найдены по методу наименьших квадратов системы нормальных уравнений (4):

$$\begin{cases} nb_0 + b_1 \sum x_1 + \dots + b_p \sum x_p = \sum y \\ b_0 \sum x_1 + b_1 \sum x_1^2 + \dots + b_p \sum x_1 x_p = \sum x_1 y \\ \dots \\ b_0 \sum x_p + b_1 \sum x_1 x_p + \dots + b_p \sum x_p^2 = \sum x_p y \end{cases} \quad (4)$$

Результаты (Results)

Влияние инбридинга как инструмента усиления целевых характеристик молочных пород скота нельзя недооценивать. Его проявление может отражаться и на внешних формах животного, его конституциональных и экстерьерных особенностях, что, в свою очередь, определяет продуктивную направленность животного, его адаптированность к влиянию факторов внешней среды. Помимо закрепления полезных признаков, может наблюдаться и накопление негативных свойств, что также находит отражение в конструкции телосложения животного.

Рассмотрение вопроса во взаимосвязи оценки племенной ценности животных с коэффициентом инбридинга (таблицы 1, 2) в нашем случае говорит об отсутствии достоверной разности между исследуемыми группами животных, за исключением глубины туловища, угла задних ног сбоку, длины сосков, крепости и молочного типа ($p < 0,05$ – $p < 0,001$) по системе оценки «Б». Но разница количества животных, включаемых в ту или иную группу, по минимальному пределу для оценки быка-производителя, имела интерес.

Так, коэффициент регрессии по двум системам оценки увеличивался и имел достоверную значимость по показателям «угол задних ног сбоку», «высота задних долей» и «глубина вымени». Данный анализ заставляет задуматься над оптимальным количеством животных для проведения расчетов. В нашем исследовании мы выбрали наиболее оптимальное, на наш взгляд, соотношение, позволяющие достичь объяснения гипотезы, нивелируя потери в количестве животных в референтной популяции.

Таблица 1

Показатели оценки племенной ценности (estimated breeding value, *EBV*) по линейной оценке экстерьера в зависимости от уровня коэффициента инбридинга, система «А»

Группа <i>Fx</i>	Молочный тип	Туловище	Конечности	Вымя	Высота (балл)
0 % (<i>n</i> = 85)	0,056 ± 0,208	0,034 ± 0,202	0,151 ± 0,151	0,075 ± 0,157	0,026 ± 0,106
0...3,125 (<i>n</i> = 180)	-0,035 ± 0,105	-0,033 ± 0,099	-0,043 ± 0,080	-0,020 ± 0,082	-0,019 ± 0,059
3,126...6.25 (<i>n</i> = 44)	0,144 ± 0,216	0,170 ± 0,210	-0,011 ± 0,173	0,050 ± 0,165	0,085 ± 0,123
6,25 и выше (<i>n</i> = 9)	0,448 ± 0,373	0,403 ± 0,382	0,169 ± 0,343	0,206 ± 0,317	0,225 ± 0,257
\overline{Fx} (<i>n</i> = 233)	0,017 ± 0,208	0,022 ± 0,202	-0,028 ± 0,151	0,002 ± 0,157	0,010 ± 0,106
<i>R</i> от 1 (<i>n</i> = 355)	-0,007	-0,004	-0,045	-0,027	-0,010
<i>R</i> от 5 (<i>n</i> = 336)	-0,010	-0,006	-0,047	-0,029	-0,012
<i>R</i> от 10 (<i>n</i> = 318)	-0,007	-0,003	-0,050	-0,030	-0,008
<i>R</i> от 15 (<i>n</i> = 309)	-0,007	-0,003	-0,051	-0,031	-0,009
<i>R</i> от 20 (<i>n</i> = 287)	-0,014	-0,011	-0,055	-0,034	-0,018

Примечание. *R* – коэффициент регрессии (regression coefficient).

Fx – индивидуальный коэффициент инбридинга, основанный на оценке по родословной.

Table 1

Indicators of estimated breeding value of exterior for the level inbreeding coefficient, system “A”

Group <i>Fx</i>	Angularity	Body depth	Legs and feet	Mammary	Stature (score)
0 % (<i>n</i> = 85)	0.056 ± 0.208	0.034 ± 0.202	0.151 ± 0.151	0.075 ± 0.157	0.026 ± 0.106
0...3.125 (<i>n</i> = 180)	-0.035 ± 0.105	-0.033 ± 0.099	-0.043 ± 0.080	-0.020 ± 0.082	-0.019 ± 0.059
3.126–6.25 (<i>n</i> = 44)	0.144 ± 0.216	0.170 ± 0.210	-0.011 ± 0.173	0.050 ± 0.165	0.085 ± 0.123
6.25 and higher (<i>n</i> = 9)	0.448 ± 0.373	0.403 ± 0.382	0.169 ± 0.343	0.206 ± 0.317	0.225 ± 0.257
\overline{Fx} (<i>n</i> = 233)	0.017 ± 0.208	0.022 ± 0.202	-0.028 ± 0.151	0.002 ± 0.157	0.010 ± 0.106
<i>R</i> from 1 (<i>n</i> = 355)	-0.007	-0.004	-0.045	-0.027	-0.010
<i>R</i> from 5 (<i>n</i> = 336)	-0.010	-0.006	-0.047	-0.029	-0.012
<i>R</i> from 10 (<i>n</i> = 318)	-0.007	-0.003	-0.050	-0.030	-0.008
<i>R</i> from 15 (<i>n</i> = 309)	-0.007	-0.003	-0.051	-0.031	-0.009
<i>R</i> from 20 (<i>n</i> = 287)	-0.014	-0.011	-0.055	-0.034	-0.018

Note. *R* – regression coefficient.

Fx – individual inbreeding coefficient based on pedigree.

Анализ результатов, представленных в таблицах 3 и 4, в общем демонстрирует схожие закономерности при использовании коэффициента инбридинга, рассчитанного по формуле Райта – Кисловского. Так, расположение передних сосков и длина передних долей с крепостью конституции в точности показали схожие зависимости. Угол задних ног, вид сбоку и расположение передних сосков имели достоверное различие третьей группы от первых двух (*p* < 0,05).

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion).

Разброс в группах коэффициента инбридинга по *EBV*, вероятно, связан с пресловутой точностью вычисления коэффициента инбридинга, для которой

могут быть использованы маркеры *STR* (short tandem repeats) и *SNP* (single nucleotide polymorphism). Ошибки, связанные с ведением баз первичного учета, и человеческий фактор не могут быть исключены, в отличие от оценки, основанной на геномной информации (генотипе). Скорость проведения исследования также немаловажна. Кроме того, длину паттерна гомозиготности *ROH* можно использовать для отслеживания онтогенеза аутозиготного сегмента: короткие сегменты *ROH* будут отражать более древнее происхождение инбридинга, в отличие от длинных сегментов *ROH*, которые будут отражать недавнее происхождение инбридинга [15, с. 300; 16, с. 22].

Таблица 2
Показатели оценки племенной ценности (EBV) по линейной оценке экстерьера в зависимости от уровня коэффициента инбридинга, система «Б»

Группа Fx	Глубина туловища	Положение зада	Ширина зада	Угол задних ног сбоку	Высота пятки	Поставка задних ног (вид сзади)	Прикрепление передних долей вымени	Высота задних долей вымени	Центральная связка	Глубина вымени	Расположение передних сосков	Длинные соски	Крепость	Молочный тип	Длина передних долей вымени	Скакальный сустав (вид сзади)
0 % (n = 85)	-0,039 ± 0,054	0,043 ± 0,056	0,015 ± 0,034	-0,073 ± 0,025	0,015 ± 0,041	0,022 ± 0,023	-0,031 ± 0,038	0,031 ± 0,043	0,016 ± 0,034	0,013 ± 0,047	-0,022 ± 0,032	-0,064 ± 0,051	-0,020 ± 0,029	-0,018 ± 0,057	-0,024 ± 0,024	-0,034 ± 0,027
0...3,125 (n = 180)	-0,014 ± 0,027	-0,005 ± 0,037	0,003 ± 0,023	0,016 ± 0,018*	0,007 ± 0,021	-0,002 ± 0,016	0,018 ± 0,024	0,004 ± 0,025	-0,007 ± 0,021	0,020 ± 0,031	0,004 ± 0,025	-0,001 ± 0,035	-0,011 ± 0,018	-0,006 ± 0,029	0,009 ± 0,016	0,015 ± 0,016
3,126...6,25 (n = 44)	0,141 ± 0,060**	0,078 ± 0,078	-0,051 ± 0,044	0,073 ± 0,039**	-0,029 ± 0,043	-0,028 ± 0,032	0,015 ± 0,052	-0,041 ± 0,054	0,019 ± 0,042	-0,069 ± 0,065	0,0001 ± 0,044	0,096 ± 0,058*	0,076 ± 0,030**	0,065 ± 0,057	0,015 ± 0,032	0,022 ± 0,031
6,25 и выше (n = 9)	0,070 ± 0,128	-0,001 ± 0,165	0,123 ± 0,148	-0,042 ± 0,105	0,017 ± 0,087	-0,110 ± 0,101	-0,023 ± 0,105	0,007 ± 0,089	0,102 ± 0,097	-0,048 ± 0,126	0,042 ± 0,121	-0,035 ± 0,128	0,005 ± 0,087	0,222 ± 0,092**	0,081 ± 0,062	-0,074 ± 0,060
\bar{F}_x (n = 233)	0,018 ± 0,054	-0,015 ± 0,056	-0,003 ± 0,034	0,024 ± 0,025**	0,001 ± 0,041	-0,011 ± 0,023	0,016 ± 0,038	-0,005 ± 0,043	0,002 ± 0,034	0,0002 ± 0,047	0,005 ± 0,032	0,016 ± 0,051	0,006 ± 0,029	0,016 ± 0,057	0,013 ± 0,024	0,013 ± 0,027
R от 1 (n = 355)	0,021	-0,022	-0,001	0,016	-0,015	-0,009	-0,005	-0,021	0,001	-0,030	0,002	0,016	0,011	0,014	0,009	-0,001
R от 5 (n = 336)	0,020	-0,021	-0,001	0,016	-0,016	-0,010	-0,005	-0,021	0,001	-0,030	0,002	0,017	0,012	0,013	0,009	-0,001
R от 10 (n = 318)	0,023	-0,018	0,002	0,017	-0,016	-0,011	-0,007	-0,022	0,001	-0,032	0,003	0,013	0,012	0,017	0,010	0,0001
R от 15 (n = 309)	0,023	-0,019	0,002	0,017	-0,016	-0,011	-0,006	-0,023	0,001	-0,032	0,003	0,016	0,012	0,017	0,010	0,0005
R от 20 (n = 287)	0,019	-0,020	0,003	0,017	-0,017	-0,013	-0,007	-0,024	0,001	-0,034	-0,0002	0,016	0,012	0,014	0,010	-0,0005

Примечание. R – коэффициент регрессии (regression coefficient); *p > 0,05; **p > 0,01; ***p > 0,001; н. д. – недоступно.

Fx – индивидуальный коэффициент инбридинга, основанный на оценке по родословной.

Table 2
Indicators of estimated breeding value of exterior for the level inbreeding coefficient, system "B"

Group Fx	Body depth	Rump angle	Rump width	Rear legs set	Foot angle	Rear legs rear view	Fore udder attach- ment.	Rear udder height.	Central ligament	Udder depth.	Front teat place- ment	Teat length	Chest width	Angu- larity	Length udder attach- ment.	Hock devel- opment
0 % (n = 85)	-0.039 ± 0.054	0.043 ± 0.056	0.015 ± 0.034	-0.073 ± 0.025	0.015 ± 0.041	0.022 ± 0.023	-0.031 ± 0.038	0.031 ± 0.043	0.016 ± 0.034	0.013 ± 0.047	-0.022 ± 0.032	-0.064 ± 0.051	-0.020 ± 0.029	-0.018 ± 0.057	-0.024 ± 0.024	-0.034 ± 0.027
0...3.125 (n = 180)	-0.014 ± 0.027	-0.005 ± 0.037	0.003 ± 0.023	0.016 ± 0.018**	0.007 ± 0.021	-0.002 ± 0.016	0.018 ± 0.024	0.004 ± 0.025	-0.007 ± 0.021	0.020 ± 0.031	0.004 ± 0.025	-0.001 ± 0.035	-0.011 ± 0.018	-0.006 ± 0.029	0.009 ± 0.016	0.015 ± 0.016
3.126...6.25 (n = 44)	0.141 ± 0.060**	-0.060 ± 0.078	-0.051 ± 0.044	0.073 ± 0.039**	-0.029 ± 0.043	-0.028 ± 0.032	0.015 ± 0.052	-0.041 ± 0.054	0.019 ± 0.042	-0.069 ± 0.065	0.0001 ± 0.044	0.096 ± 0.058*	0.076 ± 0.030**	0.065 ± 0.057	0.015 ± 0.032	0.022 ± 0.031
6.25 and higher (n=9)	0.070 ± 0.128	-0.001 ± 0.165	0.123 ± 0.148	-0.042 ± 0.105	0.017 ± 0.087	-0.110 ± 0.101	-0.023 ± 0.105	0.007 ± 0.089	0.102 ± 0.097	-0.048 ± 0.126	0.042 ± 0.121	-0.035 ± 0.128	0.005 ± 0.087	0.222 ± 0.092**	0.081 ± 0.062	-0.074 ± 0.060
\overline{Fx} (n = 233)	0.018 ± 0.054	-0.015 ± 0.056	-0.003 ± 0.034	0.024 ± 0.025***	0.001 ± 0.041	-0.011 ± 0.023	0.016 ± 0.038	-0.005 ± 0.043	0.002 ± 0.034	0.0002 ± 0.047	0.005 ± 0.032	0.016 ± 0.051	0.006 ± 0.029	0.016 ± 0.057	0.013 ± 0.024	0.013 ± 0.027
R from 1 (n = 355)	0.021	-0.022	-0.001	0.016	-0.015	-0.009	-0.005	-0.021	0.001	-0.030	0.002	0.016	0.011	0.014	0.009	-0.001
R from 5 (n = 336)	0.020	-0.021	-0.001	0.016	-0.016	-0.010	-0.005	-0.021	0.001	-0.030	0.002	0.017	0.012	0.013	0.009	-0.001
R from 10 (n = 318)	0.023	-0.018	0.002	0.017	-0.016	-0.011	-0.007	-0.022	0.001	-0.032	0.003	0.013	0.012	0.017	0.010	0.0001
R from 15 (n = 309)	0.023	-0.019	0.002	0.017	-0.016	-0.011	-0.006	-0.023	0.001	-0.032	0.003	0.016	0.012	0.017	0.010	0.0005
R from 20 (n = 287)	0.019	-0.020	0.003	0.017	-0.017	-0.013	-0.007	-0.024	0.001	-0.034	-0.0002	0.016	0.012	0.014	0.010	-0.0005

Note. R – regression coefficient; *p > 0.05; **p > 0.01; ***p > 0.001; n. s. – not significant.
Fx – individual inbreeding coefficient based on pedigree.

Показатели оценки племенной ценности быков-отцов в зависимости от уровня гомозиготности (система «А»)

Показатель	Молочный тип	Туловище	Конечности	Вымя	Высота балл
Ca 0 % (n = 10)	-0,310 ± 0,448	-0,256 ± 0,429	-0,208 ± 0,375	-0,354 ± 0,394	-0,092 ± 0,223
Ca 8...50 % (n = 284)	0,123 ± 0,087	0,115 ± 0,084	0,095 ± 0,066	0,096 ± 0,067	0,056 ± 0,048
Ca 55...77 % (n = 12)	-0,173 ± 0,652	-0,109 ± 0,618	-0,179 ± 0,464	-0,056 ± 0,485	0,049 ± 0,327
\overline{Ca} 30,29 % (n = 296)	0,111 ± 0,088	0,106 ± 0,084	0,084 ± 0,066	0,089 ± 0,067	0,056 ± 0,048

Примечание. Ca – уровень гомозиготности, рассчитанный по STR-маркерам.

Table 3

Indicators of estimated breeding value of exterior for gomozygosity level, system "A"

Group Ca	Angularity	Body depth	Legs and feet	Mammary	Stature (score)
Ca 0 % (n = 10)	-0.310 ± 0.448	-0.256 ± 0.429	-0.208 ± 0.375	-0.354 ± 0.394	-0.092 ± 0.223
Ca 8...50 % (n = 284)	0.123 ± 0.087	0.115 ± 0.084	0.095 ± 0.066	0.096 ± 0.067	0.056 ± 0.048
Ca 55...77 % (n = 12)	-0.173 ± 0.652	-0.109 ± 0.618	-0.179 ± 0.464	-0.056 ± 0.485	0.049 ± 0.327
\overline{Ca} 30,29 % (n = 296)	0.111 ± 0.088	0.106 ± 0.084	0.084 ± 0.066	0.089 ± 0.067	0.056 ± 0.048

Note. Ca – homozygosity level based on STR-markers.

Таблица 4

Показатели оценки племенной ценности быков-отцов в зависимости от уровня гомозиготности (система «Б»)

Показатель	Ca 0 % (n = 10)	Ca 8...50 % (n = 284)	Ca 55...77 % (n = 12)	\overline{Ca} 30,29 % (n = 296)
Глубина туловища	0,019 ± 0,118	0,016 ± 0,024	0,031 ± 0,162	0,017 ± 0,024
Положение зада	-0,039 ± 0,126	-0,004 ± 0,030	0,008 ± 0,148	-0,004 ± 0,030
Ширина зада	0,012 ± 0,070	0,009 ± 0,018	-0,063 ± 0,098	0,006 ± 0,018
Угол задних ног сбоку	-0,055 ± 0,043	-0,006 ± 0,015	0,109 ± 0,051 ^{*/*}	-0,001 ± 0,015
Высота пятки	-0,006 ± 0,076	0,018 ± 0,018	0,034 ± 0,116	0,019 ± 0,018
Постановка задних ног (вид сзади)	0,030 ± 0,071	-0,002 ± 0,013	0,001 ± 0,060	-0,002 ± 0,013
Прикрепление передних долей вымени	-0,146 ± 0,110	0,014 ± 0,019	0,123 ± 0,108	0,019 ± 0,019
Высота задних долей вымени	-0,024 ± 0,103	0,022 ± 0,020	-0,028 ± 0,114	0,020 ± 0,020
Центральная связка	-0,044 ± 0,113	0,021 ± 0,017	-0,130 ± 0,076	0,015 ± 0,017
Глубина вымени	-0,061 ± 0,086	0,022 ± 0,024	0,089 ± 0,111	0,025 ± 0,024
Расположение передних сосков	-0,129 ± 0,087	0,00002 ± 0,019	0,179 ± 0,085 ^{*/*}	0,007 ± 0,018
Длина сосков	0,025 ± 0,197	-0,013 ± 0,027	-0,016 ± 0,108	-0,013 ± 0,026
Крепость	-0,012 ± 0,085	-0,001 ± 0,014	0,004 ± 0,065	-0,001 ± 0,014
Молочный тип	-0,026 ± 0,100	0,026 ± 0,025	-0,026 ± 0,177	0,024 ± 0,025
Длина передних долей вымени	-0,120 ± 0,078	-0,001 ± 0,013	0,103 ± 0,079	0,004 ± 0,013
Скаковой сустав (вид сзади)	0,031 ± 0,079	0,003 ± 0,013	0,041 ± 0,084	0,004 ± 0,013

Примечание. Ca – уровень гомозиготности рассчитанный по STR-маркерам.

* p > 0,05.

/ – достоверное различие между показателями II и III.

Table 4
Indicators of estimated breeding value of exterior for homozygosity level (system "B")

Traits	Ca 0 % (n = 10)	Ca 8...50 % (n = 284)	Ca 55...77 % (n = 12)	\overline{Ca} 30,29 % (n = 296)
Body depth	0.019 ± 0.118	0.016 ± 0.024	0.031 ± 0.162	0.017 ± 0.024
Rump angle	-0.039 ± 0.126	-0.004 ± 0.030	0.008 ± 0.148	-0.004 ± 0.030
Rump width	0.012 ± 0.070	0.009 ± 0.018	-0.063 ± 0.098	0.006 ± 0.018
Rear legs set	-0.055 ± 0.043	-0.006 ± 0.015	0.109 ± 0.051 ^{*/*}	-0.001 ± 0.015
Foot angle	-0.006 ± 0.076	0.018 ± 0.018	0.034 ± 0.116	0.019 ± 0.018
Rear legs rear view	0.030 ± 0.071	-0.002 ± 0.013	0.001 ± 0.060	-0.002 ± 0.013
Fore udder attachment	-0.146 ± 0.110	0.014 ± 0.019	0.123 ± 0.108	0.019 ± 0.019
Rear udder height	-0.024 ± 0.103	0.022 ± 0.020	-0.028 ± 0.114	0.020 ± 0.020
Central ligament	-0.044 ± 0.113	0.021 ± 0.017	-0.130 ± 0.076	0.015 ± 0.017
Udder depth	-0.061 ± 0.086	0.022 ± 0.024	0.089 ± 0.111	0.025 ± 0.024
Front teat placement	-0.129 ± 0.087	0.00002 ± 0.019	0.179 ± 0.085 ^{*/*}	0.007 ± 0.018
Teat length	0.025 ± 0.197	-0.013 ± 0.027	-0.016 ± 0.108	-0.013 ± 0.026
Chest width	-0.012 ± 0.085	-0.001 ± 0.014	0.004 ± 0.065	-0.001 ± 0.014
Angularity	-0.026 ± 0.100	0.026 ± 0.025	-0.026 ± 0.177	0.024 ± 0.025
Length udder attachment	-0.120 ± 0.078	-0.001 ± 0.013	0.103 ± 0.079	0.004 ± 0.013
Hock development	0.031 ± 0.079	0.003 ± 0.013	0.041 ± 0.084	0.004 ± 0.013

Note. Ca – homozygosity level based on STR-markers.

* p > 0,05.

/ – significant difference between groups II and III.

С увеличением доступности геномной информации, в частности однонуклеотидного полиморфизма (SNP) данных, инбридинг на основе данных родословного учета может быть заменен инбридингом на основе SNP. Показатели, основанные на SNP, включают процент гомозиготных сегментов SNP, полученных в результате инбридинга от диагонали матрицы геномных отношений (GRM) и инбридинга на основе пробегов (паттернов) гомозиготности (ROH). Расчеты на основе SNP могут лучше предсказать гомозиготность по всему геному и, следовательно, лучше отражать негативные последствия гомозиготности, чем «родословный» инбридинг [17, с. 6018; 18, с. 2810; 19, с. 5307].

В своем исследовании мы постарались отразить влияние инбридинга и гомозиготности на оценку племенной ценности голштинских и черно-пестрых быков-производителей. Можно отметить, что STR-маркеры не потеряли своей актуальности и демонстрируют схожие закономерности в рас-

четах при сравнении с «классической» градацией по Райту – Кисловскому. Особенно это проявляется при изучении результатов в группе сравнения (\overline{Ca}). Генетическая оценка более точна, поскольку использованы реализованные геномные данные, а не вероятностные расчеты родословных.

В развитии тематики исследований планируем произвести расчет с использованием коэффициента геномного инбридинга, рассчитанного на информации по чипам высокой плотности SNP, зарекомендовавшим себя как современное альтернативное решение вопроса контроля возникновения инбредной депрессии и инструмента проведения селекционных мероприятий сегодняшнего дня [20, с. 4].

Благодарности (Acknowledgements)

Выражаем свою признательность специалистам Союза «Мосплем» за предоставление информации, использованной в исследовании.

Библиографический список

1. Yengo L., Zhu Z., Wray N. R., Weir B. S., Yang J., Robinson M. R., Visscher P. M. Detection and quantification of inbreeding depression for complex traits from SNP data // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2017. Vol. 114. Pp. 8602–8607.
2. Caballero A., Villanueva B., Druet T. On the estimation of inbreeding depression using different measures of inbreeding from molecular markers // Evolutionary Applications 2021. Vol. 14. Pp. 416–428.
3. Kardos M., Nietlisbach P., Hedrick P.W. How should we compare different genomic estimates of the strength of inbreeding depression? // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2018. Vol. 115. Pp. 2492–2493.
4. Недашковский И. С., Сермягин А. А., Богданова Т. В., Ермилов А. Н., Янчуков И. Н., Зиновьева Н. А. Оценка влияния уровня инбридинга на молочную продуктивность и воспроизводительные качества коров голшти-низированной популяции черно-пестрой породы // Молочное и мясное скотоводство. 2018. № 7. С. 17–22.

5. Недашковский И. С., Костюнина О. В., Волкова В. В., Ермилов А. Н., Сермягин А. А. Оценка племенной ценности быков-производителей голштинской породы по качеству потомства в связи с уровнем гомозиготности по STR-маркерам [Электронный ресурс] // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П. А. Костычева. 2019. № 3 (43). С. 36–43. DOI: 10.36508/RSATU.2019.43.41328. URL: http://vestnik.rgatu.ru/archive/2019_3.pdf#page=36 (дата обращения: 20.09.2022).
6. Сидорова В. Ю., Попов Н. А. Особенности признаков телосложения, связанных с воспроизводством у дочерей инбредных и аутбредных быков // Молочное и мясное скотоводство. 2017. № 2. С. 15–17.
7. Doekes H. P., Veerkamp R. F., Bijma P., de Jong G., Hiemstra S. J., Windig J. J. Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein–Friesian dairy cattle // Genetics Selection Evolution. 2019. Vol. 51. Pp. 1–16
8. Makanjuola B. O., Maltecca C., Miglior F., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins // BMC Genomics. 2020. Vol. 21 Article number: 605. URL: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-020-07031-w> (date of reference: 12.11.2022).
9. Han W., Xue Q., Li G., Yin J., Zhang H., Zhu Y., Xing W., Cao Y., Su Y., Wang K. Genome-wide analysis of the role of DNA methylation in inbreeding depression of reproduction in Langshan chicken // Genomics. 2020. Vol. 112. Pp. 2677–2687.
10. Doekes H. P., Bijma P., Windig J. J. How Depressing Is Inbreeding? A Meta-Analysis of 30 Years of Research on the Effects of Inbreeding in Livestock // Genes. 2021. Vol. 12. Article number. 926. DOI: 10.3390/genes12060926.
11. Ерохин А. И., Солдатов А. П., Филатов А. И. Инбридинг и селекция животных. Москва: Агропромиздат, 1985. 155 с.
12. Peakall R., Smouse P. E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research update // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. Pp. 2537–2539.
13. Савенко Н. А. Селекционер Подмосковья. Москва: МСХиП МО, 2006. 84 с.
14. Misztal I., Tsruta S., Strabel T. et. al. BLUPF90 and related programs (BGF90) // Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production. Montpellier, 2002. Vol. 28 (27). Pp. 21–22.
15. Недашковский И. С., Сермягин А. А., Костюнина О. В., Волкова В. В., Гладырь Е. А., Янчуков И. Н. Популяционно-генетическая характеристика, оценка геномного инбридинга и гомозиготности крупного рогатого скота черно-пестрой и голштинской пород по STR и SNP маркерам в России // Вестник Пермского Университета. Серия: Биология. 2021. № 4. С. 295–306. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-4-295-306.
16. Контэ А. Ф., Недашковский И. С., Ермилов А. Н., Сермягин А. А. Влияние уровня инбридинга быков-производителей на показатели типа телосложения их дочерей // Молочное и мясное скотоводство. 2022. № 4. С. 19–25. DOI: 10.33943/MMS.2022.26.83.003.
17. Howard J. T., Pryce J. E., Baes C., Maltecca C. Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability // Journal of Dairy Science. 2017. Vol. 100. Pp. 6009–6024.
18. Baes C. F., Mankanjuola B. O., Miglior F., Marras G., Howard J. T., Fleming A., Maltecca C. Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance // Journal of Dairy Science. 2019. Vol. 102. Pp. 2807–2817.
19. Maltecca C., Tiezzi F., Cole J. B., Baes C. Symposium review: Exploiting homozygosity in the era of genomics – Selection, inbreeding, and mating programs // Journal of Dairy Science. 2020. Vol. 103. Pp. 5302–5313.
20. Martikainen K., Koivula M., Uimari P. Identification of runs of homozygosity affecting female fertility and milk production traits in Finnish Ayrshire cattle // Scientific Reports. 2020. Vol. 10. Article number: 3804. URL: https://www.nature.com/articles/s41598-020-60830-9?error=cookies_not_supported&code=cee74166-3ad8-4504-921d-cfae4e469a23 (date of reference: 12.11.2022).

Об авторах:

Игорь Сергеевич Недашковский¹, младший научный сотрудник отдела популяционной генетики и генетических основ разведения животных, ORCID 0000-0003-0487-4576, AuthorID 969123; nedashkovsky_is@mail.ru

Александр Федорович Контэ¹, кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник отдела популяционной генетики и генетических основ разведения животных, ORCID 0000-0003-4877-0883, AuthorID 849809; alexandreconte@yandex.ru

Александр Александрович Сермягин¹, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, заведующий отделом популяционной генетики и генетических основ разведения животных, ORCID 0000-0002-1799-6014, AuthorID 592166; alex_sermyagin85@mail.ru

¹ Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, Дубровицы, Россия

Estimated breeding value on linear assessment of exterior depending on inbreeding coefficient and the level of homozygosity

I. S. Nedashkovskiy¹✉, A. F. Konte¹, A. A. Sermyagin¹

¹ L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Russia

✉ E-mail: nedashkovsky_is@mail.ru

Abstract. Purpose. A study was carried out to assess the influence of the inbreeding coefficient, calculated according to the Wright – Kislovsky formula, and level of homozygosity calculated on STR-markers the indicators of the assessment of breeding value according to the linear assessment of the exterior. **Methods.** The object of the study were the daughters ($n = 42\,245$) of 355 Black-and-White and Holstein sires in the Moscow region. The calculation was made taking into account at least 10 daughters per sire. The entire data array for *EBV* amounted to 42076 heads of cattle, for 318 sires and was divided into four groups with respect to (F_x): the first included outbred animals (0 %), the second with $F_x = 0 \dots 3.125$, the third with $F_x = 3.126 \dots 6.25$, in the fourth with $F_x \geq 6.25$, and in the fifth all animals except outbreds. For the STR calculation, the total sample was 306 sires for 39,590 daughters. So, the first group included heterozygous individuals $Ca = 0$ %, the second individuals with $Ca = 8 \dots 50$ %, the third with $Ca = 55 \dots 77$ %, the comparison group consisted of individuals with $Ca = 8 \dots 77$ %, which is on average sample 28.74 %. **Results.** It was noted that there was no significant difference “classic” calculation by means of gradation of the coefficient inbreeding between the studied groups of animals, with the exception of body depth, rear legs set, teat length, chest width and angularity ($p < 0.05 \dots p < 0.001$) according to the “B” rating system. The results of calculations by STR markers in general had similar dependencies: the angle of the hind legs in the side view from -0.055 in the first group to 0.109 in the third, the location of the front nipples from -0.129 to 0.179 . The regression coefficient increased along with the minimum number of daughters per sire used in the calculations in terms rear legs set, rear udder height and udder depth. **Scientific novelty.** For the first time in Russia, the influence of the estimated breeding value according to the linear assessment of the conformation, depending on the coefficient of inbreeding and the level of homozygosity, calculated by STR markers, will be investigated.

Keywords: Black-and-White breed, Holstein breed, body type estimates, estimated breeding value, homozygosity, exterior, inbreeding coefficient, microsatellites, F_x , *EBV*, *STR*.

For citation: Nedashkovskiy I. S., Konte A. F., Sermyagin A. A. Pokazateli otsenki plemennoy tsennosti po lineynoy otsenke ekster'era v zavisimosti ot koeffitsienta inbridinga i urovnya gomozigotnosti [Estimated breeding value on linear assessment of exterior depending on inbreeding coefficient and the level of homozygosity] // Agrarian Bulletin of the Urals. 2023. No. 01 (230). Pp. 55–65. DOI: 10.32417/1997-4868-2023-230-01-55-65. (In Russian.)

Date of paper submission: 23.09.2022, **date of review:** 13.10.2022, **date of acceptance:** 31.10.2022.

References

1. Yengo L., Zhu Z., Wray N. R., Weir B. S., Yang J., Robinson M. R., Visscher P. M. Detection and quantification of inbreeding depression for complex traits from SNP data // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2017. Vol. 114. Pp. 8602–8607.
2. Caballero A., Villanueva B., Druet T. On the estimation of inbreeding depression using different measures of inbreeding from molecular markers // Evolutionary Applications 2021. Vol. 14. Pp. 416–428.
3. Kardos M., Nietlisbach P., Hedrick P.W. How should we compare different genomic estimates of the strength of inbreeding depression? // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 2018. Vol. 115. Pp. 2492–2493.
4. Nedashkovskiy I. S., Sermyagin A. A., Bogdanova T. V., Yermilov A. N., Yanchukov I. N., Zinov'yeva N. A. Otsenka vliyaniya urovnya inbridinga na molochnuyu produktivnost' i vosproizvoditel'nyye kachestva korov golshtinizirovannoy populyatsii cherno-pestroy porody [Evaluation of inbreeding effect for milk production and fertility traits in russian Black-and-White cattle improved by Holstein breed] // Dairy and beef cattle farming. 2018. No. 7. Pp. 17–22. (In Russian.)
5. Nedashkovskiy I. S., Kostyunina O. V., Volkova V. V., Yermilov A. N., Sermyagin A. A. Otsenka plemennoy tsennosti bykov-proizvoditeley golshtinskoy porody po kachestvu potomstva v svyazi s urovнем gomozigotnosti po STR-markeram [Estimation of the breeding value of holstein sire by the quality of offspring in connection with

the homosity level calculated by STR-markers] // Herald of Ryazan State Agrotechnological University Named After P. A. Kostychev. 2019. No. 3 (43). Pp. 36–43. DOI: 10.36508/RSATU.2019.43.41328. URL: http://vestnik.rgatu.ru/archive/2019_3.pdf#page=36 (date of reference: 20.09.2022). (In Russian.)

6. Sidorova V. Yu., Popov N. A. Osobennosti priznakov teloslozheniya, svyazannykh s vosproizvodstvom u docherey inbrednykh i outbrednykh bykov [The particularities of inbred and outbred bulls daughters' body traits associated with the reproduction] // Dairy and beef cattle farming. 2017. No. 2. Pp. 15–17. (In Russian.)

7. Doekes H. P., Veerkamp R. F., Bijma P., de Jong G., Hiemstra S. J., Windig J. J. Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein–Friesian dairy cattle // Genetics Selection Evolution. 2019. Vol. 51. Pp. 1–16

8. Makanjuola B. O., Maltecca C., Miglior F., Schenkel F. S., Baes C. F. Effect of recent and ancient inbreeding on production and fertility traits in Canadian Holsteins // BMC Genomics. 2020. Vol. 21. Article number: 605. URL: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-020-07031-w> (date of reference: 12.11.2022).

9. Han W., Xue Q., Li G., Yin J., Zhang H., Zhu Y., Xing W., Cao Y., Su Y., Wang K. Genome-wide analysis of the role of DNA methylation in inbreeding depression of reproduction in Langshan chicken // Genomics. 2020. Vol. 112. Pp. 2677–2687.

10. Doekes H. P., Bijma P., Windig J. J. How Depressing Is Inbreeding? A Meta-Analysis of 30 Years of Research on the Effects of Inbreeding in Livestock // Genes. 2021. Vol. 12. Article number. 926. DOI: 10.3390/genes12060926.

11. Erokhin A. I. Soldatov A. P., Filatov A. I. Inbriding i selektsiya zhivotnykh [Inbreeding and selection of animals]. Moscow: Agropromizdat, 1985. 155 p. (In Russian.)

12. Peakall R., Smouse P. E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research update // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. Pp. 2537–2539.

13. Savenko N. A. Selektioner Podmoskov'ya [Breeder of Moscow region]. Moscow: MSKHiP MO, 2006. 84 p. (In Russian.)

14. Misztal I., Tsruta S., Strabel T. et. al. BLUPF90 and related programs (BGF90) // Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production. Montpellier, 2002. Vol. 28 (27). Pp. 21–22.

15. Nedashkovskiy I. S., Sermyagin A. A., Kostyunina O. V., Volkova V. V., Gladyr' E. A., Yanchukov I. N. Populyatsionno-geneticheskaya kharakteristika, otsenka genomnogo inbridinga i gomozigotnosti krupnogo rogatogo skota cherno-pestroy i golshinskoy porod po STR i SNP markeram v Rossii [Population and genetic features, genomic inbriding and homozygosity level for Black-And-White and Holstein breeds by STR and SNP markers in Russia] // Bulletin of Perm University. Biology. 2021. No. 4. Pp. 295–306. DOI: 10.17072/1994-9952-2021-4-295-306. (In Russian.)

16. Konte A. F., Nedashkovskiy I. S., Ermilov A. N., Sermyagin A. A. Vliyaniye urovnya inbridinga bykov-proizvoditeley na pokazateli tipa teloslozheniya ikh docherey [The influence of bull's inbreeding level on indicators of their daughter's body type] // Dairy and beef cattle farming. 2022. No. 4. Pp. 19–25. DOI: 10.33943/MMS.2022.26.83.003. (In Russian.)

17. Howard J. T., Pryce J. E., Baes C., Maltecca C. Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability // Journal of Dairy Science. 2017. Vol. 100. Pp. 6009–6024.

18. Baes C. F., Mankanjuola B. O., Miglior F., Marras G., Howard J. T., Fleming A., Maltecca C. Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance // Journal of Dairy Science. 2019. Vol. 102. Pp. 2807–2817.

19. Maltecca C., Tiezzi F., Cole J. B., Baes C. Symposium review: Exploiting homozygosity in the era of genomics – Selection, inbreeding, and mating programs // Journal of Dairy Science. 2020. Vol. 103. Pp. 5302–5313.

20. Martikainen K., Koivula M., Uimari P. Identification of runs of homozygosity affecting female fertility and milk production traits in Finnish Ayrshire cattle // Scientific Reports. 2020. Vol. 10. Article number: 3804. URL: https://www.nature.com/articles/s41598-020-60830-9?error=cookies_not_supported&code=cee74166-3ad8-4504-921d-cfae4e469a23 (date of reference: 12.11.2022).

Authors' information:

Igor S. Nedashkovskiy¹, junior researcher of population genetics and animal breeding department, ORCID 0000-0003-0487-4576, AuthorID 969123; nedashkovsky_is@mail.ru

Aleksandr F. Konte¹, candidate of agricultural sciences, scientific researcher of population genetics and animal breeding department, ORCID 0000-0003-4877-0883, AuthorID 849809; alexandrconte@yandex.ru

Aleksandr A. Sermyagin¹, candidate of agricultural sciences, head of population genetics and animal breeding department, ORCID 0000-0002-1799-6014, AuthorID 592166; alex_sermyagin85@mail.ru

¹ L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Russia