

Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства  
– филиал федерального государственного бюджетного научного учреждения  
«Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение  
высшего образования  
«Российский государственный аграрный университет –  
МСХА имени К.А. Тимирязева»

*На правах рукописи*

**Плахтюкова Виктория Романовна**

**ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ КАЛЬПАИНА И СОМАТОТРОПИНА  
У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ  
И ЕГО СВЯЗЬ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ ПРОДУКТИВНОСТИ**

06.02.07 – разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных

**ДИССЕРТАЦИЯ**  
на соискание ученой степени кандидата биологических наук

Научный руководитель:  
доктор биологических наук,  
профессор РАН  
**Селионова Марина Ивановна**

Ставрополь – 2020

## СОДЕРЖАНИЕ

ВВЕДЕНИЕ.....	4
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ.....	10
1.1. Современное состояние развития мясного скотоводства в России .....	10
1.2. Производство говядины: зарубежный опыт .....	16
1.3. Генетические маркёры продуктивных признаков мясного скота .....	26
1.4. Применение гистологического анализа при исследовании мяса сельскохозяйственных животных разных генотипов .....	45
2. СОБСТВЕННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ .....	50
2.1. Материал и методы исследований .....	50
3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ .....	62
3.1. Полиморфизм генов <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы разных половозрастных групп .....	62
3.1.1. Полиморфизм генов <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> у быков-производителей казахской белоголовой породы .....	62
3.1.2. Полиморфизм генов <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> у материнского стада коров казахской белоголовой породы .....	64
3.1.3. Полиморфизм генов <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> у ремонтных телочек.....	66
3.1.4. Полиморфизм генов <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> у ремонтных бычков .....	67
3.2. Воспроизводительные качества и молочность коров казахской белоголовой породы разных генотипов по генам <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> .....	70
3.3. Рост и развитие молодняка разных генотипов по генам <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> .....	73
3.3.1. Динамика живой массы .....	73
3.3.2. Линейный рост (промеры и индексы телосложения).....	75
3.4. Морфологические и биохимические показатели крови у бычков разных генотипов по генам <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> .....	78
3.5. Мясная продуктивность бычков разных генотипов по генам <i>CAPN1</i> и <i>GH</i> .....	85
3.5.1. Убойные показатели.....	85

3.5.2. Химический анализ мяса .....	87
3.5.3. Микроструктурный гистологический анализ качества мяса .....	89
3.6. Экономическая эффективность выращивания животных направленной селекции .....	93
ЗАКЛЮЧЕНИЕ .....	95
ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ .....	97
ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ .....	97
СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ .....	98
ПРИЛОЖЕНИЯ .....	126

## ВВЕДЕНИЕ

**Актуальность темы.** На сегодняшний день увеличение производства качественной и конкурентоспособной сельскохозяйственной продукции является одной из актуальных проблем (Амерханов Х.А. и соавт., 2019; Каюмов Ф.Г., 2020). Для обеспечения сбалансированного белкового питания населения нашей страны необходима регулировка процесса производства мяса, которая возможна только при развитии специализированного мясного скотоводства. Следует отметить, что разводимый на территории Российской Федерации скот мясного направления покрывает лишь 4,0% от общей потребности населения в мясной продукции. Вследствие чего в настоящее время в нашей стране уделяется большое внимание развитию мясного скотоводства как в традиционных, так и в новых регионах, где имеются обширные территории, не используемые для пастбищ, что позволяет в разы снизить зависимость от импорта за счет увеличения количества производимого мяса внутри страны (Горлов И.Ф., Левахин В.И. и соавт., 2015; Дунин И.М., Тяпугин С.Е., Мещеров Р.К. и соавт., 2020, Каюмов Ф.Г., 2020).

Наиболее востребованным и при этом доступным способом прогнозирования продуктивных качеств мясного скота в раннем возрасте является генотипирование по генам, ассоциированным с признаками продуктивности. Особенно актуальными являются исследования по выявлению генетического полиморфизма в генах, связанных с формированием количественно-качественных параметров мышечной и жировой ткани мясного скота (Горлов И.Ф. и соавт., 2015; Мирошников С.А. и соавт., 2017; Sedykh T.A. et al., 2017).

Одним из значимых для селекции скота мясного направления продуктивности является ген кальпаина (*CAPNI*), который контролирует функцию ослабления связей между пучками мышечных волокон, вследствие декомпозиции кальций-зависимой цистеин-протеазы, и создает условия для равномерного распределения внутримышечного жира между волокнами, что и обеспечивает «мраморность» мяса и, следовательно, его нежность и сочность (Лысенко Н.Г. и соавт., 2016; Sięłoch A., 2017; Сонич Н.А. и соавт., 2019).

Соматотропный гормон, или ген гормона роста (*GH*), является одним из ключевых гипофизарных регуляторов соматического роста животных, а также играет важную роль в углеводно-жировом обменном процессе (Tasuda K et al., 2008; Kato K. et al., 2008; Lee J.H. et al., 2013; Бейшова И.С. и соавт., 2018).

Исследование мышечной ткани на морфогистологическом уровне в комплексе с другими параметрами важно для объективной всесторонней оценки качественных характеристик мяса (Хвыля С.И. и соавт., 2012; Дмитрик И.И., Селионова М.И., 2016).

Изучение аллельного полиморфизма генов-маркеров хозяйственно ценных признаков крупного рогатого скота казахской белоголовой породы с применением методов молекулярной диагностики является современным и актуальным направлением в условиях юга России.

**Степень разработанности темы.** Высокий спрос на «мраморную» говядину, обладающую повышенной нежностью и сочностью, определил интенсивность поиска генетических маркёров, которые оказывают влияние на формирование данных признаков. Изучению влияния аллельного состояния генов кальпаина и гормона роста на формирование признаков продуктивности мясного скота отечественных пород с целью разработки программ селекции с использованием генетических маркеров посвящены работы Л.Г. Сурундаевой, Л.А. Мавеской, 2015; К.М. Джуламанова и соавт., 2016; Н.Г. Лысенко и соавт., 2016; Л.Н. Чижовой и соавт., 2016; С.А. Мирошникова и соавт., 2017; Ковалюк Н.В. и соавт., 2018; И.С. Бейшовой, 2018; Ш.А. Макаева, 2019; Л.А. Танана, 2020.

**Цель и задачи исследований.** Целью настоящей работы явилось определить ассоциации полиморфизма генов *CAPN1* и *GH* с показателями продуктивности крупного рогатого скота казахской белоголовой породы и выявить желательные генотипы для использования в селекции на повышение мясной продуктивности и качества говядины.

Для достижения указанной цели были решены следующие **задачи**:

- определить генетическую структуру популяции крупного рогатого скота казахской белоголовой породы разных половозрастных групп по генам *CAPNI* и *GH*;
- исследовать воспроизводительные качества и молочность маточного поголовья разных генотипов;
- исследовать динамику живой массы и особенности роста и развития молодняка разных генотипов в разные возрастные периоды;
- дать обоснование гематологическим и биохимическим показателям жирнокислотного состава липидов плазмы крови бычков разных генотипов;
- изучить убойные качества, физико-химические показатели мяса и морфоструктуру мышечной ткани бычков разных генотипов;
- рассчитать экономическую эффективность разведения молодняка разных генотипов.

**Научная новизна исследований.** Впервые осуществлен комплексный системный подход к изучению генетических параметров, ассоциированных с гематологическими показателями, морфобиохимическим статусом и количественно-качественными продуктивными характеристиками отечественной популяции крупного рогатого скота казахской белоголовой породы, разводимой в условиях юга России.

Дана характеристика генетической структуры популяции казахской белоголовой породы и оценка ее селекционной перспективности по генам *CAPNI* и *GH*. Изучена взаимосвязь полиморфизма изучаемых генов с производительными и качественными характеристиками мясной продуктивности. Выявлены генотипы селекционно значимых аллелей генов *CAPNI* и *GH* для селекции мясного скота, направленных на увеличение мясной продуктивности и повышение качества говядины.

**Теоретическая и практическая значимость работы.** Исследован полиморфизм генов *CAPNI* и *GH* в казахской белоголовой породе, установлена положительная связь генотипов *CC* и *VV* с приростом живой массы, интенсив-

ностью липидного обмена, выходом туши и содержанием в ней мякоти, а также с количеством, диаметром мышечных волокон и коэффициентом «мраморности».

Практическая значимость полученных данных заключается в перспективности отбора носителей желательных аллелей генов *CAPNI* и *GH* для целенаправленного подбора родительских пар и получения большего числа потомков с гомозиготным генотипом, что обеспечит больший удельный вес в стаде животных с лучшими количественно-качественными показателями мясной продуктивности.

Установленные закономерности и практические предложения могут быть использованы при подготовке специалистов зооветеринарного и биологического профиля. На основе проведенных экспериментальных исследований выявлены зоотехнические параметры, биохимические тест-системы, молекулярно-генетические факторы для оценки потомства желательного генотипа с высоким потенциалом продуктивности – для использования в практической работе селекционеров, а также в качестве лекционного материала в учебном процессе по предметам зоотехнии, ветеринарии, биотехнологии высших образовательных учреждений.

**Связь темы с планом научных исследований.** Настоящая работа проводилась в соответствии с государственным планом НИР 0725-2018-0031 «Разработать и усовершенствовать биотехнологические методы генетического контроля и управления селекционным процессом при создании новых селекционных форм сельскохозяйственных животных» ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ».

Полученные результаты исследований внедрены в производственную деятельность СПК колхоза-племзавода «Гигант» Благодарненского района Ставропольского края и подтверждены Актом о внедрении законченных научно-исследовательских разработок в сельскохозяйственное производство.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ проекта № 19-316-90061/19. Проект получил государственный регистрационный номер АААА-А19-119121690049-5 в ЕГИСУ НИОКР (ФГАНУ ЦИТиС), тем самым обеспечивая государственный учет результатов работы.

**Методология и методы исследования.** Методологической основой проведения исследования явился анализ экспериментальных работ зарубежных и российских ученых в области разведения и использования маркер-зависимой селекции в породах мясного скота. Были использованы стандартные молекулярно-генетические, биохимические, зоотехнические и биометрические методики исследований, а также определения экономической эффективности.

**Степень достоверности и апробация результатов.** Достоверность основана на использовании достаточного количества опытных животных, применении современных методов, оборудования, биометрической обработки экспериментальных данных с оценкой степени достоверности различий между животными разных генотипов с использованием программного обеспечения (Microsoft Office, приложение Excel).

Основные положения работы доложены и одобрены на ежегодных отчетах лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий, заседаниях ученого совета ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» в 2018–2019 гг. (г. Ставрополь); на VII Международной научно-практической конференции «Инновационные разработки молодых ученых – развитию АПК» (г. Ставрополь, 2019); Международной научной конференции «Современные достижения и проблемы генетики и биотехнологии в животноводстве», посвященной 90-летию академика Л.К. Эрнста (п. Дубровицы, 2019); Российской научно-практической конференции с международным участием «Фундаментальные основы технологического развития сельского хозяйства» (г. Оренбург, 2019); XIV Выставке инновационных проектов молодых ученых Северного Кавказа, приуроченной ко Дню российской науки (г. Нальчик, 2020); Международной научно-практической конференции «Биотехнологии в агропромышленном комплексе и рациональное природопользование» (г. Великий Новгород, 2020).

**Основные положения, выносимые на защиту:**

- полиморфизм молекулярно-генетических маркёров хозяйственно ценных продуктивных признаков *CAPN1* и *GH* в разных половозрастных группах стада казахской белоголовой породы;
- взаимосвязь аллельного профиля генов *CAPN1* и *GH* с молочностью коров; ростом и развитием молодняка; особенностями жирнокислотного



состава липидов плазмы крови; убойными качествами, физико-химическими показателями мяса, гистоструктурой мышечной ткани у бычков разных генотипов;

– экономическая оценка разведения молодняка направленной селекции, способствующая повышению эффективности использования генетических ресурсов скота казахской белоголовой породы.

**Публикация результатов исследований.** По материалам диссертационной работы опубликовано 7 научных статей, в том числе 3 – в рецензируемом издании, рекомендованном ВАК Министерства образования и науки РФ, 2 – в изданиях, индексируемых в международных базах цитирования Scopus и Web of Science.

**Объем и структура диссертации.** Диссертация изложена на 141 странице компьютерного текста, содержит 27 таблиц, 9 рисунков и 5 приложений, включает введение, обзор литературы, материалы и методику исследований, результаты исследований, заключение, включающее выводы, практические предложения, перспективы дальнейшей разработки темы; список использованной литературы, насчитывающий 238 источников, в том числе 100 – на иностранных языках.

**Личный вклад соискателя.** Работа, под руководством научного руководителя, выполнена автором самостоятельно. Характеризуется внутренним единством, включает в себя традиционные разделы содержания, четко обозначенные цель и задачи исследований.

Автором представлены материалы и методика разделов исследований, полностью выполнен весь объем экспериментальной части научно-исследовательских работ, проведен анализ и обработка первичных данных, сформированы выводы и практические предложения производству. Доля участия соискателя при выполнении диссертации составляет 85%. Представленная диссертация является завершенной научно-квалификационной работой и свидетельствует о личном вкладе автора диссертации в зоотехническую науку в области мясного скотоводства.

## 1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

В главе проанализированы исследования литературных источников отечественных и зарубежных ученых в данной области изучения генов, непосредственно влияющих на мясную продуктивность крупного рогатого скота.

### 1.1. Современное состояние развития мясного скотоводства в России

Продовольственная безопасность остается одной из наиглавнейших задач не только в России, но и во всем мире. В одном ряду с уровнем питания рассматривается качественное меню человека и, в частности, присутствие в нем животного белка. Дневная норма взрослого человека в белках, в зависимости от деятельности, оценивается в 70–105 г, половину которой должны составлять животные белки (Кочетков А.А., Шаркаев В.И., Шаркаева Г.А., 2015). Так, в РФ в сутки на человека производится 49 г белка животного происхождения, тогда как в Америке – 68 г, странах Европы в среднем – 62 г, а в отдельных странах, таких как Германия и Франция, – 70 и 77 г. Значительно больший уровень производства белка на одного жителя производится в Новой Зеландии – 120 г, Австралии – 138 г, Аргентине – 140 г, а в Дании – 220 г (Мысик А.Т., 2017).

В обеспечении населения белком животного происхождения важная роль отводится мясному скотоводству. Мясное скотоводство в России в последние годы получило значительное расширение благодаря принятию и реализации отраслевой программы «Развитие мясного скотоводства в России на 2009–2012 годы» и действующей подпрограммы «Развитие мясного скотоводства» государственной программы «Развитие сельского хозяйства и регулирования рынков сельскохозяйственной продукции, сырья и продовольствия на 2013–2020 годы». За десятилетний период с 2008 по 2018 год объемы производства мясного скотоводства увеличились в 3,5 раза и составляют 15% от совокупного производства говядины. поголовье скота, воспроизводимого по технологии «корова – теленок», выросло в 4,3 раза. Положительные сдвиги в мясном скотоводстве России

за последние годы произошли благодаря увеличению численности поголовья животных как за счет собственных ресурсов, так и импорта и повышению их продуктивности (Мирошников С.А., Макаев Ш.А., Фомин В., 2012; Мысик А.Т., 2017; Дунин И.М., Тяпугин С.Е., Мещеров Р.К. и др., 2020).

По данным Минсельхоза России, в 2018 году поголовье крупного рогатого скота в стране составило более 18 млн голов, в том числе численность животных специализированных мясных пород во всех категориях хозяйств достигла 2,26 млн голов (Дунин И.М., Тяпугин С.Е., Мещеров Р.К. и др., 2020). При этом следует отметить, что основную долю производимой говядины до настоящего времени получают пока от скота комбинированного и молочного направлений продуктивности, в связи с чем, по мнению Горлова И.Ф., Левахина В.И. (2015) и Ранделина Д.А. с соавт. (2014), целесообразно дальнейшее совершенствование их мясных качеств.

Согласно статистическим данным Государственной программы развития мясного скотоводства, в мировом объеме производства мяса сельскохозяйственных животных на долю говядины и телятины приходится 22,9%, при этом прослеживается положительный прогноз тенденции к увеличению их объемов производства. Лишь только за последние 3 года, с 2016 по 2019 гг., прирост составил 3,3% (на 1,88 млн т).

Основное поголовье мясного скота в России сосредоточено в Южном федеральном округе – порядка 22,0%, далее следует Центральный федеральный округ – 19,0% и Приволжский – 14,0%.

Согласно расчетам экспертно-аналитического центра Агробизнеса («АБ-Центр») и данным Минсельхоза РФ, в 2018 году самыми развитыми регионами России по разведению крупного рогатого скота мясного направления продуктивности были Республика Калмыкия – 8,7% (60,2 тыс. гол.), Оренбургская область – 7,7% (53,2 тыс. гол.), Челябинская область – 6,6% (45,9 тыс. гол.), Ставропольский край – 5,9% (40,7 тыс. гол.), Ростовская область – 4,5% (30,9 тыс. гол.) и Республика Башкортостан – 3,9% (27,2 тыс. гол.). Доля этих регионов в

совокупной численности скота мясных пород среди сельхозорганизаций составляла 58,0%. Также в «Мясной пояс России» входят Алтайский край – 4,1% (21,1 тыс. гол.), Краснодарский край – 4,0% (19,2 тыс. гол.), Республика Татарстан – 3,5% (16,3 тыс. гол.) и Забайкальский край – 3,4% (16,1 тыс. гол.).

Научное сопровождение отрасли мясного скотоводства в настоящее время осуществляет Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, в который вошел Всероссийский научно-исследовательский институт мясного скотоводства. В центре работают ассоциации по разведению калмыцкой, казахской белоголовой и герефордской пород. Ассоциации объединяют племенные хозяйства и выполняют функции активизации рынка племенной продукции, обеспечивают постоянный обмен опытом и информацией среди заводчиков скота, способствуют эффективному внедрению богатого научного опыта по разведению, технологии содержания, селекции и генетики. Всестороннее взаимовыгодное сотрудничество научных организаций, ассоциаций и сельхозтоваропроизводителей в совокупности способствуют увеличению производства высококачественной говядины.

Благодаря тесному взаимодействию науки и практики активно развивается и отечественная племенная база. По состоянию на 01.01.2019 года племенная база мясного скотоводства России была представлена 270 племенными стадами, в том числе 46 племенными заводами и 224 племенными репродукторами. Племенные хозяйства служат примером ведения производства (Родионов Г.В., Изиллов Ю.С., Харитонов С.Н., Табакова Л.П., 2007; Гонтюрев В.А., Макаев Ш.А., 2013).

В 2018 году в различные категории хозяйств из племенных предприятий было продано 35 517 голов племенного молодняка, в том числе 6388 ремонтных бычков с классами элита и элита-рекорд (85,3%). Согласно Государственному племенному регистру, в племенных хозяйствах России разводились такие породы мясного скота, как калмыцкая, казахская белоголовая, русская комолая, герефордская, абердин-ангусская, обрак, лимузинская, галловейская, салерс и шарлезская (Каюмов Ф.Г., Макаев Ш.А., 2010; Шевхужев А.Ф., Смакуев Д.Р.,

2015). В 2018 году в расчете на 100 коров было реализовано племенного молодняка галловейской породы 33,0 головы, казахской белоголовой – 29,1; геррефордской – 28,0; калмыцкой – 22,2; лимузинской – 15,5; абердин-ангусской – 8,8; русской комолой – 8,2 и симментальской мясной – 4,7 головы.

Кратко об истории создания, уровне продуктивности и современном состоянии российских пород мясного скота.

*Калмыцкая порода* – это одна из самых первых пород азиатского происхождения. Ее завезли в Прикаспийские степи в XVII веке. Формировали данную породу кочевники в жестких условиях в Китае и Средней и Центральной Азии. Калмыцкая порода получила распространение и в Сибири. Данная порода отличается непревзойденной неприхотливостью к условиям содержания, ограниченному кормлению, прекрасно переносит высокие и низкие температуры, обладает устойчивым иммунитетом (Каюмов Ф.Г., Габидулин В.М., Маевская Л.А., Сурундаева Л.Г., 2010; Мирошников С.А., Макаев Ш.А., 2012). По словам Н.Н. Шевлюка (2016), порода характеризуется достаточно развитой мускулатурой, крепкой конституцией, отличительной особенностью данной породы является хорошо выраженный гребень на голове. Масть красная или красно-пестрая. Масса взрослого быка – 850–900 кг (элита-рекорд – до 1100 кг), живая масса половозрелой телки – 450–480 кг, масса новорожденных телят – 24–26 кг, масса молодняка в 1,5 года – 410–450 кг. Убойный выход 64–66%; выход мяса 55–58%, у особей с высокой массой тела – до 65–68%; плодовитость 90–95%.

*Казахская белоголовая порода* является первой скороспелой мясной породой крупного рогатого скота, выведенной в России большим коллективом научных работников, специалистов и рабочих совхозов. Эта порода сыграла важную роль в развитии специализированного мясного скотоводства в нашей стране (Гамарник Н.Г., Петров В.Ф., Рыков А.И., Рагимов Г.И. и соавт., 1990). Выведена путем скрещивания казахских и калмыцких пород, и на помесях – с использованием генофонда геррефордской породы. Создавалась в Казахской ССР, Оренбургской, Волгоградской и Саратовской областях. В настоящее время разводится на Северном Кавказе, Урале, в Поволжье, Западной и Восточной Сибири

(Шевхужев А.Ф., Смакуев Д.Р., 2015). Характеризуется гармоничным, типичным для скота мясных пород, сложением. Масть красная, разных оттенков, голова, грудь, ноги, брюхо и кисть хвоста белые. Взрослые коровы в среднем весят 450–500 кг, а в племенных хозяйствах с направленной селекцией – 520–550 кг, но отдельные животные достигают веса 700 кг и более. Живой вес новорожденных телят – 27–30 кг, бычки в среднем весят на 2 кг больше телочек. Живой вес быков-производителей племенных хозяйств составляет 800–900 кг, наиболее крупные (класса элита-рекорд) весят свыше 1000 кг. Ремонтные бычки к двух-летнему возрасту достигают веса 580 кг и более. Откормленные кастраты 1,5–2-годовалого возраста весят 400–500 кг. Убойный выход 60–65% (Королев В.Л., 2010; Гонтюрев В.А., Макаев Ш.А., Искандерова А.П. и соавт., 2013; Дорошенко В.Б., 2015).

*Русская комолоя порода* выведена в 2007 году в хозяйствах Волгоградской области усилиями ученых и практиков путем скрещивания скота абердин-ангусской и калмыцкой пород. В результате воспроизводительного скрещивания в генотипе животных выводимой породы имелось 87,5% крови ангусской и 12,5% калмыцкой пород (Джуламанов К.М. и соавт., 2010). Потомки от такого спаривания унаследовали у ангуссов мясные качества, масть, комолость, а у калмыцких – адаптационные способности. Животные хорошо приспособлены к сухому и влажному климату, могут обходиться естественными пастбищами, они выдерживают жару и морозы. Питаясь сеном, травой и комбикормом, скот набирает вес за сутки до 1300 граммов. Живой вес быков – 1200–1250 кг, коров – 800 кг и более. И.Ф. Горлов, В.И. Левахин, Д.А. Ранделин, А.К. Натыров, Б.К. Болаев, О.А. Суторма (2015) сообщают, что в возрасте 15 мес. бычки русской комолой породы превосходили ангуссов по показателям живой массы на 38,0 кг, массы туши – на 19,2 кг. В тушах бычков новой породы меньше было отложено жира на 28,9%. Также в экспериментах И.Ф. Горлова, А.А. Федюнина и соавт. (2014) установлено, что при интенсивном откорме от бычков русской комолой породы в возрасте 18 мес. были получены туши массой от 300 до 450 кг. Мясо

бычков имело высокие показатели по химическому и биохимическому составу. Выход туш после убоя бычков был равен 55,8% и убойный выход – 59,2%.

Таким образом, главная ценность русской комолой в суровых условиях сухой степи – это быстрый прирост живой массы и производство «мраморного» мяса.

Из общего числа российских племенных хозяйств, занимающихся мясным скотоводством, по состоянию на 1 января 2018 года 97 хозяйств разводили скот герфордской породы, 88 – калмыцкой породы, 54 – казахской белоголовой, 24 – абердин-ангусской, 7 – лимузинской (Дунин И.М., Тяпугин С.Е., Мещеров Р.К., Ходыков В.П., Аджибеков В.К., Тяпугин Е.Е., Дюльдина А.В., 2020).

Дальнейшее развитие скотоводства в РФ обусловлено следующими аспектами: наращиванием количества поголовья скота, увеличением его продуктивности, освоением новых современных технологий, увеличением производительности труда на базе научно-технического прогресса, понижения ресурсоемкости, и как итог – увеличения конкурентоспособности отечественной продукции на мировом аграрном рынке. Кроме того, существенное значение в повышении количества и качества производимой продукции при минимуме производственных затрат во многом зависит от специалистов, работающих в отрасли, их способности к поиску и освоению новых форм хозяйствования, прогрессивных технологий производства, их творческой активности, от изыскания и приведения в действие всех резервов производства (Родионов Г.В., Изиллов Ю.С., Харитонов С.Н., Табакова Л.П., 2007).

Таким образом, основным итогом реализации мер государственной поддержки развития отрасли мясного скотоводства в последние годы стало создание основ конкурентоспособного отечественного мясного скотоводства, включающие: укрепление племенной базы мясного скотоводства; создание необходимого для расширенного воспроизводства поголовья крупного рогатого скота, разводимого по технологии «корова – теленок»; строительство и запуск в экс-

плуатацию первых промышленных откормочных площадок; начало работы современных мясоперерабатывающих предприятий, обеспечивающих глубокую переработку скота и имеющих выход на внешний рынок.

## **1.2. Производство говядины: зарубежный опыт**

На сегодняшний день наиболее крупными производителями говядины и телятины, по данным Международной ассоциации развития продовольственного рынка, являются Соединенные Штаты Америки, которые производят 11,2 млн т. Затем следуют Бразилия с 7,7 млн т, Китай – 6,5; Аргентина – 2,7; Австралия – 2,0 млн т. Однако доля говядины и телятины в общем объеме производства мяса животных всех видов различается по континентам: Африка – 37,6%, Азия – 11,7%, Европа (в том числе Россия) – 23,4%, Северная и Центральная Америка – 29,3%, Южная Америка – 42,5% (Терентьева А.С., 2018).

Соединенные Штаты возглавили рейтинг 20 стран по ежегодному потреблению мяса, на втором месте рейтинга расположилась Австралия, где средне-статистический житель потребляет 111 килограммов мяса в год. Тройку лидеров замыкает Испания, с 97 килограммами. С небольшим отставанием следуют Израиль с 96 килограммами и Канада с 94. Десятку стран-лидеров по потреблению мяса дополняют Италия (90 кг), Германия (88 кг), Франция (87 кг), Бразилия (85 кг) и Великобритания (84 кг). Вторую десятку рейтинга открывает Россия (69 кг), за ней следуют Южная Африка и Китай. В обеих странах на одного жителя приходится по 58 килограммов мяса в год (по данным Национального союза производителей говядины со ссылкой на The Spectator Index (2019)).

Прогноз по мировому экспорту говядины на 2020 год составляет 11,5 млн тонн, т.е. рост составит 4,0% к 2019 году. Повышенный спрос на говядину в Азии, обусловленный сокращением производства свинины, будет ключевым фактором, способствующим этому росту. Глобальный рост производства будет обусловлен ростом производства в Бразилии, США, Индии и Аргентине, что должно компенсировать снижение производства говядины в Китае, ЕС и Австралии. Большая часть дополнительного спроса на говядину, вероятно, будет



покрыта южноамериканскими поставщиками – Бразилией, Аргентиной и Парагваем, из-за доступности и более выгодной цены. Прогнозируется, что экспорт из Бразилии достигнет 2,6 млн тонн, что на 15,6% выше уровня 2019 года – самое большое увеличение среди всех экспортеров.

В странах Северной, Центральной и Южной Америки производство говядины базируется на интенсивном специализированном мясном скотоводстве.

В Северной Америке отрасль характеризуется высокой специализацией хозяйств и имеет важное экономическое значение для большинства штатов страны. Как сообщает А.С. Терентьева (2018), денежные поступления фермерам от реализации откормочного скота и телят в 2017 году достигли 67,3 млрд долларов, что составило 18,4% общей рыночной стоимости продаж сельскохозяйственных продуктов. Для сравнения: сумма от реализации молока в 2017 году составила 38,0 млрд долларов, мяса птицы (бройлеров) – 42,5 млрд, кормовых культур – 54,7 млрд, продовольственного зерна – 10,7 млрд, кукурузы – 45,9 млрд. Средняя стоимость 1 ц убойного скота в живой массе выросла за десятилетний период с 198 до 262 долларов. Значительная часть маточного поголовья с телятами на подсосе (при системе «корова – теленок») сосредоточена в небольших и средних фермерских хозяйствах, тогда как доразивание и откорм зачастую производится на крупных откормочных площадках (фидлотах), которых в 2016 году насчитывалось более 30 тысяч. На фидлотах мощностью более 1000 голов откармливается 81% молодняка.

В структуре рациона маточного поголовья пастбищный корм от общей питательности составляет около 60%, концентрированный – 22%, грубые и сочные корма – 18%. После отъема телят передают в хозяйства кукурузного пояса, где интенсивный откорм до массы 400–450 кг ведется на рационах с большим количеством концентрированных кормов, главным образом кукурузы (Терентьева А.С., 2018).

В Канаде мясное скотоводство сосредоточено в степных, малонаселенных районах на западе страны. Система выращивания, содержания и откорма мясного

скота имеет много общего с принятой в США. В Южной Америке наибольшее количество скота находится в Бразилии и Аргентине, при этом мясное скотоводство является основной отраслью животноводства. В большинстве районов этих стран практикуется круглогодичное пастбищное содержание, при минимальном использовании концентрированных кормов. В связи с этим молодняк реализуют на мясо в 2–2,5 года живой массой 400–500 кг. Внутриотраслевая специализация хозяйств выражена значительно слабее, чем в США. В странах Азии скотоводство характеризуется экстенсивным ведением и, соответственно, низким уровнем продуктивности местного скота (Кузнецов В.М., 2012; Кочетков А.А., 2015).

Большую роль в повышении продуктивности скота и развитии отрасли сыграла направленная селекционно-племенная работа с многочисленными мясными породами. Около 87% говядины в США получают от скота специализированных мясных пород, остальную часть – от молочных. В мясном скотоводстве развитых стран используют в основном две группы пород: классические британские (геррефордская, абердин-ангусская, галловейская, шортгорнская мясного направления) и итало-французские (кианская, пьемонтская, лимузинская, шароле-зская) а также их помесей. В то же время большим интересом и популярностью также пользуются такие породы мясного направления продуктивности, как бельгийская голубая, японская порода Wagyu, санта-гертруда, галловейская (Шевхужев А.Ф., Смакуев Д.Р., 2015).

Одной из самых многочисленных мясных пород в мире является *геррефордская порода*. Выведена в конце XVIII века, была экспортирована во многие страны, и сейчас более чем в пятидесяти странах мира насчитывается свыше пяти миллионов чистокровных геррефордов. Комолые геррефорды – это безрогий тип геррефордов с геном комолости, который появился в результате естественной мутации. Геррефордская порода неприхотлива в уходе и содержании, является одной из лучших для откорма в природных условиях (Гамарник Н.Г., Шевелёва О. М., Дуров А.С., 2012; Танана Л.А., 2020). Она наращивает большое количество мышечной массы высокого качества, которое отличается высокой предрас-

положенностью к «мраморности» и наряду с мясом абердин-ангусской породы считается наилучшим для приготовления стейков.

Герефорды типичного мясного сложения, туловище бочкообразное, приземистое, широкое, глубокое, сильно выступает подгрудок. Масть темно-красная, белая голова (особенно лицевая часть), шея, нижняя часть, нижняя часть конечностей и кисть хвоста белые. Вес при рождении 28–33 кг, вес взрослых быков 900–1350 кг, телок – 650–850 кг. Среднесуточные приросты: 800–1200 г у бычков, 500–800 г у телочек. Убойный выход 60–65%, наибольший – до 70% (Смирнова М.Ф., Сафонов А.М., Сулоев А.М., Фомина Н.В., 2015; Дубовскова М.П., 2019).

В 2015 году на Ставрополье коллективом ученых-селекционеров и практиков был создан заводской тип герефордской породы мясного скота «Дмитриевский» (Селионова М.И., Дубовскова М.П., Хистенко С.А., Душка Л.Г., Яровой Д.П., 2016). Отличительной особенностью животных этого типа является комолость, долгорослость и длиннотелость, высокая энергия роста. Среднесуточные приросты на откорме молодняка 1800 г. Убойный выход – 68%. Молочность коров 212 кг и более. Интенсивный уровень кормления обеспечивает увеличение продуктивности на 10–15%. Предусматривается технология мясного скотоводства с максимальным использованием пастбищ и уровень кормления, обеспечивающий осеменение телок в возрасте 14–15 месяцев (Селионова М.И., Дубовскова М.П., 2017).

Другой наиболее распространенной породой в мире является *абердин-ангусская порода*. Выведена в XIX веке в Шотландии, в горных районах с суровым климатом, путем скрещивания черного комолого (безрогого) скота графства Абердиншир и бурого – графства Ангус. Абердин-ангусская порода отличается нежностью, сочностью, «мраморностью» мяса, легкими отелами, высокой плодовитостью, устойчивой наследственностью и высокой приспособляемостью. Абердин-ангусская порода стала второй по распространенности в мире. В России абердин-ангусскую породу используют с начала XX века для скрещивания. Племенные хозяйства России разводят абердин-ангусскую породу в Волгоград-

ской, Брянской областях и Карачаево-Черкесии (Шевхужев А.Ф., Легошин Г.П., 2006). Абердины комолые, черной масти, компактного телосложения. Живая масса быков 750–800 кг, иногда до 1000 кг, коров – 500–550 кг, иногда до 700 кг. В Америке создан высокорослый тип абердин-ангусской породы: высота в холке быков 145–147 см, живая масса быков более 1000 кг. Животные скороспелые. Масса новорожденных телочек 16–26 кг, бычков – 28–30 кг. Среднесуточный прирост 700–800 г. Живая масса бычков-кастратов при интенсивном выращивании и откорме к 15–16 месяцам достигает 450–460 кг. Убойный выход 58–60 %. Главной отличительной продуктивной особенностью этой породы является качественное «мраморное» мясо, более того, этот признак породы стойко передается по наследству, что обеспечивает высокий спрос абердин-ангусской породы на рынке агробизнеса по всему миру (Сониц Н.А., Епишко О.А., Танана Л.А., Пешко В.В., Вертинская О.В., 2019).

В России порода получила широкое распространение благодаря реализации крупнейшего инвестиционного проекта АПХ «Мираторг». Сегодня на 94 фермах в Брянской, Калининградской, Смоленской, Калужской, Орловской и Тульской областях сосредоточено более 270 тыс. маточного поголовья. Компания с объемом производства свыше 100 тыс. тонн говядины по итогам 2018 года занимала первое место в России и является крупнейшим производителем в Европе (электронный ресурс – [https://miratorg.ru/about/Black Angus](https://miratorg.ru/about/Black%20Angus), 2019).

*Лимузинская порода* выведена в конце XVIII века во Франции. Лимузинский крупный рогатый скот обладает массивным, мускулистым туловищем, голова укороченная, с крупным лбом, шея короткая, со складками кожи, переходит в широкую грудь. Обхват грудной клетки – около 2,4 метра, высота в холке – 130–140 сантиметров. Масть золотисто-бурая. На нижней части тела окрас более светлый. Лимузины очень выносливы и неприхотливы (Шевелёва О.М., Бахарев А.А., 2017).

По словам А.А. Кочеткова и Г.А. Шаркаева (2015), порода лимузин – лидер среди пород мясного направления и удерживает первенство по продуктивным показателям уже несколько столетий. Мясо имеет волокнистую, тонкую

структуру, содержание жира в туше минимальное. На килограмм костей приходится 6,5–7 килограммов мяса (Sedykh T.A., Gizatullin R.S., Dolmatova I.Yu., Kalashnikova L.A., 2016).

При рождении телята весят около 40 кг, среднесуточный привес – 800–1000 граммов в сутки, при интенсивном питании к 15 месяцам бычки породы лимузин вырастают до 500–550 килограммов. Племенные производители класса элита-рекорд набирают массу тела более 1300 килограммов. Выход мяса при убое 60–65%.

*Бельгийская голубая порода* была выведена в конце XVIII века в Бельгии, путем скрещивания местного черно-пестрого и красно-пестрого молочного скота (фризские) с быками шортгорнской мясной породы. По некоторым данным, породу в XIX веке улучшили быками породы шароле. Изначально фермеры хотели получить мясомолочную породу, но после долгих экспериментов уклон в разведении был сделан в пользу мясного типа. В 1960 годах обнаружили мутацию гена «двойной мускулатуры» – миостатина (MSTN), и появился современный тип бельгийской голубой, как мясной породы крупного рогатого скота (Arthur P, 1995; McPherron, A.C., 1997; Beaumont M.A. 2004; Khasanah, H. et al. 2016).

Характеристика породы: коровы невысокие, с растянутым корпусом, на недлинных прямых ногах. Имеют чрезвычайно хорошо развитые мышцы огузка, поясницы и задней части, плечи, шея и спина прямые. Масть варьируется от белого до сине-серого пятнистого и черного цвета. Живой вес быков больше тонны – 1100–1250 кг. Нередко встречаются особи с весом более 1300 кг. Коровы обычно достигают веса от 850 до 900 кг. Убойный выход 67–80%. Телята рождаются на свет не мускулистыми, как их родители, но мускулы появляются уже в месячном возрасте. Вес новорожденных телочек от 40 до 55 кг, среднесуточный прирост от 900 до 1400 г, бычков – от 42 до 65 кг, среднесуточный прирост от 1200 до 1800 граммов. Масса быков в 1,5 года достигает 740 кг. Основным минусом породы является невысокая плодовитость коров и тяжелый отёл (Грибова Е., 2008). Выход молодняка не превышает 60–65% (Грязнева Т.Н., Борунова С.М., Быканов А.В., Дегтярева О.Н., Игуменцев П.А., 2018).

*Порода Wagyu* («Вагю», японская корова) – общее название мясных пород коров, выведенных в Японии, отличающихся генетической предрасположенностью к интенсивной мраморности – наличием большого количества тонких жировых прослоек между волокнами мышц – и высокому содержанию ненасыщенных жиров. Японские породы коров *Wagyu* выведены в XIX веке скрещиванием аборигенной японской коровы с импортированными популярными европейскими и американскими породами. В 1910 году был открыт регистр породы *Wagyu*, и с этого момента скрещивания более не допускались и породу начали разводить в чистоте (Tatsuda K., Oka A., Iwamoto E. et al., 2008).

Живая масса быков 900–1000 кг, коров – 500–600 кг, со среднесуточным приростом до 900 граммов. Выход мяса при забое составляет около 64%. В течение столетий породу разводили только в Японии в условиях полностью закрытой селекционной системы. Долгое время японцы не экспортировали скот для разведения, однако в последнее время *Wagyu* разводят в Австралии и в Америке. С экономической точки зрения это оказалось более выгодно, и на стоимости мяса это сказалось исключительно в сторону повышения (De S., MacNeil M.D., Wu X.L. et al., 2004; Baumung R., Simianer H., Hoffmann I., 2004).

Преобладающая доля (90%) в структуре породы *Wagyu* приходится на коров японской черной породы. Среди этих животных в отдельную группу выделяют породу Тадзима – к ней относят чистопородный скот японской черной породы, сохраняющий чистоту крови с XVII века до сегодняшнего дня. По данным S. Baroke (2014), в 1970-х годах в результате мероприятий по улучшению породы была выделена популяция Kobe («Кобе»), а соответствующая марка зарегистрирована в 1983 году. Каждое животное породной марки Kobe регистрируется и получает свидетельство о происхождении с отпечатком носа, чей рисунок так же индивидуален, как и отпечатки пальцев у человека, далее этот документ сопровождает животное до самого убойного периода и реализации его продукции в качестве отчетного протокола (рисунок 1).

Говядина Kobe отличается повышенной нежностью и готовится крайне быстро при высокой температуре. Стоимость говядины Kobe породы *Wagyu*, на

международном рынке оценивается в среднем 80 долларов (5500 российских рублей) за килограмм, на рынке Японии от 1000 до 4000 иен (до 2500 рублей) (Baroke S., 2014).



Рисунок 1 – Родословная животного породы Wagyu (марка «Kobe») с отпечатком носового зеркала; индивидуальный номер животного на упаковке мяса, Япония

В 2006 году американские СМИ назвали говядину Kobe в числе «9 самых дорогих и роскошных продуктов в мире» после икры, фуа-гра и белого трюфеля. Но зачастую то мясо, что продается под названием «Kobe» на европейском и американском рынках, производится в Соединенных Штатах (так называемый American Kobe), Австралии, Европе и имеет мало общего с подлинной говядиной Kobe (Lan L., Chen M., Flowers J.B., Yandell B.S., Stapleton D.S. et al., 2006).

Согласно данным S. Sasazaki, K. Akiyama, T. Narukami et al. (2014), говядина Wagyu по большей части состоит из жира, пронизанного прослойками мяса, при этом он мягкий, нежной структуры, обладает ярким и тонким вкусом и придает мясу исключительную нежность и сочность. В нем содержится около 40% стеариновой кислоты, а линолевой – на треть выше, чем в других сортах мяса. Данные кислоты не оказывают негативного влияния на уровень холестерина в организме человека, а мононенасыщенные жиры в процессе обработки и приготовления мяса имеют низкую температуру плавления, богаты омега-3 и омега-6 жирными кислотами. Кроме того, в породе исключительно высокая частота встречаемости желательного гомозиготного аллельного генотипа – до 87%, кальпаин-калпастатиновой (CAPN-CAST) системы, что также обеспечивает нежность получаемого мяса.

Порода *санта-гертруда* выведена в США на ферме «Санта-Гертрудис» ранчо «Кинг» (англ. King Ranch) штата Техас путем скрещивания коров шортгорнской породы с быками зебу породы брахман, зарегистрирована в 1940 году. Животные породы *санта-гертруда* впервые были завезены в СССР в 1960 годах для разведения и скрещивания с отдельными отечественными породами скота. Они хорошо приспособлены к пастбищному содержанию (Борисова Н.В., Кобцева М.Ф., Захарова Н.Б., 2001).

Животные этой породы характеризуются крепким телосложением, отличными мясными формами, у них большие складки на шее, большой подгрудок. Масть коричнево-красная, иногда со светлыми пятнами на нижней части туловища. Масса телят при рождении переменчива – от 30 до 43 кг. Находясь на кормлении у матери до 6-месячного возраста, молодняк прибавляет до 900 граммов. Живая масса быков достигает 800–1180 кг, коров – 560–620 кг. Молодняк в 18 месяцев достигает живой массы 400–500 кг. Убойный выход составляет 63–66%. Животные выносливые, приспособленные к сухому континентальному климату, хорошо выдерживают жару и холод.

*Галловейская порода* – одна из древнейших пород, выведена в XVII веке в Шотландии. В конце XIX века порода появилась в Америке и Канаде. С 1962 года небольшое поголовье завезли в СССР для селекционной работы. Была завезена в Казахстан в 1963 году. Работы по селекции галловейской породы проводились в Казахстанском НИИ животноводства (Хамируев Т.Н., 2011; Аслалиев А.Д., Гармаев Д.Ц., 2016).

Скот галловейской породы комолый, преимущественно черной масти, имеется рецессивный ген окраски так называемого «белого пояса»; шерстный покров достаточно длинный, до 19 см, немного вьющийся. Взрослые быки имеют живой вес 800–850 кг, а коровы – 480–550 кг. Среднесуточный прирост молодняка составляет в среднем 800–900 г. В годовалом возрасте телята могут набрать свыше 400 кг. Мясо нежное, имеет предпосылки к образованию «мраморности». Убойный выход – 60–65%.



В странах с развитым мясным скотоводством широко применяется шкала определения степени мраморности по системам USDA или AUS-MEAT, которая представлена следующими градациями: легкая, небольшая, умеренная, средняя, слегка избыточная и умеренно-избыточная (Костылева О.Ф., 2011; Кайдулина А.А., 2014; Смагулов А.К., Ораз Г.Т., 2018) (рисунок 2).

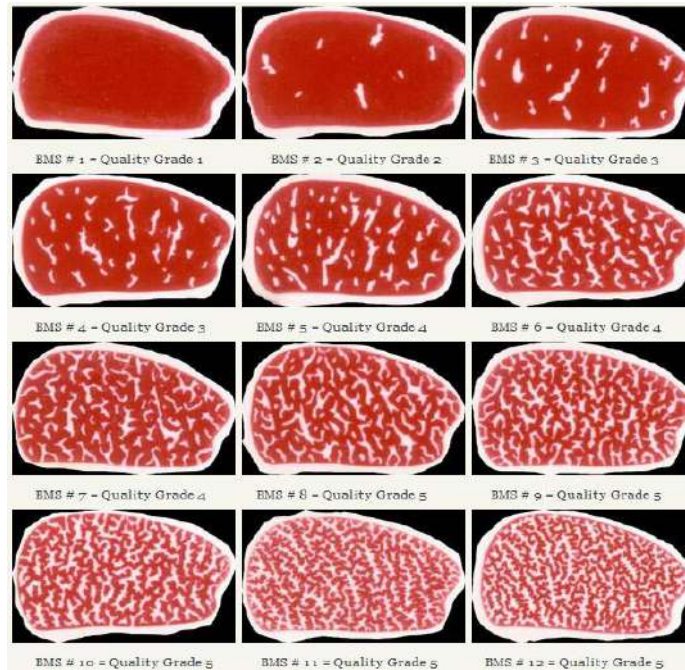


Рисунок 2 – Градация «мраморности» мясной продукции

Как сообщают А.А. Кудинов, А.В. Петрова, К.В. Племяшов (2017), весь процесс выращивания животных и производства мясной продукции, от рождения племенного животного и до убоя, разделки и последующей продажи мяса за рубежом, оценка по генетическим признакам, фиксируется в национальной электронной системе BLUP Animal Model.

Оценка племенной ценности молочного скота с помощью компьютерной программы BLUP AM начата в 1990 году и была размещена в каждом административном филиале мировой ассоциации сельского хозяйства. Эта система автоматически отвечает за оценку и управление данными каждого животного и прогнозирует его племенную ценность. Геномная оценка используется соответственно и в мясном скотоводстве.

Суть метода заключается в так называемой модели повторных записей (RM – Repeatability Model) о каждом животном в процессе продуктивного использования и данных о его прямых предках до третьего поколения. Эти записи

содержат в себе всю фенотипическую информацию о животных, начиная от года рождения, номер, данные о привесах массы и др. В результате компьютер выстраивает вариационную кривую линию, показывающую так называемый генетический тренд (по тому или иному признаку) за определенный период времени. Высчитываются коэффициенты (наследуемости и повторяемости продуктивных признаков), отображается средняя племенная ценность животных стада с учетом влияния популяционных параметров, гено- и фенотипических признаков, учитывается влияние внешних факторов (например, сезон года), а также отображаются показатели региональной оценки влияния хозяйств на реализацию генетического потенциала.

На базе BLUP AM проводится геномная оценка животных как в рамках национальных, так и международных программ. Геномная селекция дает возможность отбирать высокоценных производителей, таким образом, не только сокращает расходы на проверку производителей по качеству потомства на 70%, но и ускоряет генетический прогресс по продуктивным признакам животных на 30% (Luikart G. et al., 2003; Кудинов А.А., 2017).

Таким образом, в странах с развитой отраслью мясного скотоводства конкурентоспособность производства продукции обеспечивается использованием высокопродуктивных специализированных пород, высокой специализацией и концентрацией поголовья на откормочных площадках, применением при откорме скота современных технологий и научно обоснованных рационов, использованием современных методов геномной селекции, а также применением современных маркетинговых подходов при реализации «мраморной» говядины.

### **1.3. Генетические маркёры продуктивных признаков мясного скота**

Во многих странах мира генотипирование животных, использование молекулярных ДНК-маркёров, геномного подхода стало неотъемлемой частью селекционного процесса, поскольку позволяет проводить оценку генотипа в самом раннем возрасте (Sunnucks P., 2001; Смарагдов М.Г., 2005; Зиновьева Н.А., Эрнст Л.К., 2006; Goddard M.E., Hayes V.J., 2009; Племяшов К.В., 2014).

Подсчитано, что экономический эффект от использования геномной селекции в расчете на одного быка-производителя в молочном скотоводстве составляет около 20 тыс. евро. Он складывается за счет экономии средств на проведение традиционной оценки по продуктивности потомков, которая занимает, как правило, в скотоводстве от 3 до 5 лет, при этом лишь десятая часть отбирается для дальнейшего племенного использования (Ковалюк Н., Ковалюк А., Чурилова Е., Масленников М. и соавт., 2004; Макаев Ш.А., 2013).

В настоящее время более 25 стран ведут геномные исследования разных видов сельскохозяйственных животных, на реализацию которых выделяются значительные средства. Достаточно сказать, что только в Соединенных Штатах Америки реализуется около 10 проектов, бюджет которых составляет сотни миллионов долларов, связанных как с использованием фундаментальных основ геномной селекции, так и с практическим освоением этих технологий в животноводстве (Селионова М.И., Чижова Л.Н., Михайленко А.К., 2015; Kayumov F.G., Gerasimov N.P., Tretyakova R.F. et al., 2018; Dubovskova M.P. et al., 2019).

Следует отметить, что наибольшие успехи в практическом применении геномной селекции отмечены для крупного рогатого скота молочного направления продуктивности. Это объясняется тем, что для разработки специализированных информативных ДНК-чипов учеными США были проанализированы геномы практически всех быков-производителей, поступающих в североамериканские центры по искусственному осеменению и оцененных по качеству потомства более чем за 15-летний период (Айбазов А.М.-М., Мамонтова Т.В., 2018).

Использованию геномной селекции в практике предшествовали многочисленные и широкомасштабные исследования ученых всего мира в области расшифровки геномов сельскохозяйственных животных, которые были в основном выполнены в 2000–2014 годах и позволили проводить генотипирование по тысячам ДНК-маркёров, непосредственно влияющих на те или иные продуктивные признаки. Было установлено, что отличие в последовательности ДНК размером в один нуклеотид (А, Т, С или G) может быть причиной изменения

последовательности чередования аминокислот в белке. В зависимости от такого изменения действия белка в цепочке биохимических реакций усиливается или ослабляется, что в свою очередь изменяет в ту или иную сторону проявление признака продуктивности. Такой однонуклеотидный полиморфизм (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) был признан наиболее информативным и удобным для использования в практической прикладной селекции (Campbell D., Bernatchez L., 2004; Goddard M.E. et al., 2009).

Было установлено, что у сельскохозяйственных животных насчитывается несколько сотен тысяч таких однонуклеотидных полиморфизмов, в среднем один на 50 тысяч, которые равномерно распределены по всему геному. Точки SNP могут находиться в экзонах, интронах или регуляторных областях генов, но в любом случае оказывают достоверное влияние на проявление хозяйственно значимых признаков животного. Чтобы вычислить суммирующее воздействие многих генов, а также возможный эпистатический эффект, в последнее время внимание исследователей было сосредоточено на реализации селекции целостного генома. Данный подход, безусловно, перспективен, но ограничением метода сегодня является непонимание принципов работы генома и фактических механизмов реализации в том или ином виде мультигенных и мутационных признаков. Также обязательным условием для проведения геномной селекции является то, что нужно проводить фенотипирование и генотипирование стандартной популяции. Чем больше численность этой популяции, тем выше точность геномной селекции (Georges M. et al., 1987; Barendse W. et al., 1997; Grisart B. et al., 2002; Goddard M.E. et al., 2003; Baumung R. et al., 2004).

Геном мясного скота (герфордская порода) был секвенирован Консорциумом по секвенированию и анализу генома крупного рогатого скота (Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, BGSAC), куда вошли более 300 ученых из 25 стран мира во главе с Национальными институтами здравоохранения (National Institutes of Health) и Министерством сельского хозяйства США (U.S. Department of Agriculture) в 2009 году. Это один из самых крупных из когда-либо секвенированных геномов. Размер генома составляет 3 Гб (3 миллиарда

пар оснований), он содержит приблизительно 22 000 генов, из которых 14 000 являются общими для всех видов млекопитающих и на 80 процентов общими с человеком (Buntjer J.B., Otsen M., Nijman I.J. et al., 2002; Baumung R. et al., 2004).

Высокая эффективность геномного подхода в оценке племенной ценности сельскохозяйственных животных привела к созданию программ по геномной селекции крупного рогатого скота в США, Ирландии, Франции, Нидерландах, Германии и других странах. Реализация таких программ опирается также и на выполнение межнациональных проектов, целью которых является создание значительных по объему баз данных генотипов животных с подробным описанием их фенотипических признаков и особенностей содержания, что позволяет существенно увеличить размер референтной базы и с большей точностью проводить поиск новых генов, вовлеченных в формирование наиболее ценных экономических признаков продуктивности (Elsik C.G., Unni D.R., Diesh C.M. et al., 2016). Для объективной оценки эффективности селекции сельскохозяйственных животных Ирландская федерация крупного рогатого скота ввела индекс экономической ценности пород (EBI – economic breeding index), который достоверно вырос благодаря широкому распространению геномного подхода.

Для получения информации о геномных профилях сельскохозяйственных животных ведущими компаниями Illumina (США, Сант-Диего) и Affymetrix (США, Калифорния) разработаны ДНК-чипы, которые позволяют типировать генотип особи по нескольким тысячам SNP-маркёров. ДНК-чипы представляют собой небольшую стеклянную, пластиковую или силиконовую поверхность, на которую нанесены в определенном порядке фрагменты ДНК, с которыми гибридизируются комплементарные им участки ДНК из исследуемого образца (Volormaa S. et al., 2015). Использование чипов различной плотности стало применяться и в Российской Федерации (Доцев А.В., Сермягин А.А., Шахин А.В., Паронян И.А., Племяшов К.В., Рейер Х., Виммерс К., Брем Г., Зиновьева Н.А., 2018).

Одним из основных методов, используемых в поиске значимых для селекции полиморфизмов, является полногеномный анализ ассоциаций (genome-

wide association study, GWAS) принцип работы которого также основан на использовании ДНК-чипов. GWAS представляет собой дальнейшее развитие метода маркер-зависимой селекции (marker-assisted selection, MAS) и основывается на использовании генетических маркёров, распределенных по всему геному и находящихся в неравновесном сцеплении (linkage disequilibrium, LD) по меньшей мере с одним из количественных признаков (QTL) (Столповский Ю.А., 2010; Кузнецов В.М., 2012; Зиновьева Н.А. и соавт., 2016).

Исследования MAS сфокусированы на точном картировании некоторых QTL при условии того, что ген, входящий в QTL, может быть идентифицирован. В свою очередь, эффективность GWAS зависит от числа SNP. Если SNP расположены на хромосоме слишком далеко друг от друга, то QTL не может быть в достаточном неравновесном сцеплении хотя бы с одним из маркёров и, как следствие, локус не будет найден. Увеличение плотности покрытия генома по SNP позволяет повысить вероятность определения QTL и в значительной степени точность картирования (Hayes V.J. et al., 2009).

Полногеномное сканирование с использованием ДНК-чипов для поиска новых генов-кандидатов признаков продуктивности мясного скота, так же как и в случае для селекции молочного скота, признано в настоящее время одним из самых перспективных и многообещающих направлений научных исследований.

При изучении эффективности трансформации корма, динамики роста и развития мясного скота разных пород на основе полногеномного подхода было установлено, что точность поиска QTL и выявление SNP, ассоциированных с потреблением корма, среднесуточным приростом, потреблением сухого вещества рациона, были выше при использовании чипа высокой плотности (Illumina 778K HD), чем при средней плотности (Illumina Bovine SNP50) (Seabury M., Oldeschulte D.L., Saatchi M. et al., 2017). В то же время использование чипов средней плотности также позволяет выявить SNP, в частности на 6 хромосоме, демонстрирующие высокодостоверную связь со среднесуточными приростами и потреблением корма у кроссированного мясного скота (Bruford M.W., Bradley, D.G., Luikart, G., 2003).

Использование чипов высокой плотности позволило выявить 18 значимых SNP на 13 хромосоме для прогнозирования среднесуточных приростов живой массы и пять новых генов-кандидатов мясной продуктивности в породе шароле (Beja-Pereira A., Alexandrino P., Bessa, I. et al., 2003).

Широкомасштабный полногеномный анализ и использование GWAS, выполненный на популяции, включающей 7573 голов мясного скота по более 7 млн SNP, позволил выявить 27 молекулярных маркёров, большая часть которых располагалась на 6, 14 и 20 хромосомах, ассоциированных с метаболизмом углеводов и липидов, отражающих эффективность конверсии корма (Zhang F., Wang Y., Mukiibi R., Chen L., Vinsky M. et al., 2020). На основе GWAS было установлено 26 SNP, в основном на 6 хромосоме, ассоциированных с количественно-качественными параметрами туш мясного скота. Геномный подход признан наиболее перспективным для поиска регионов генома, контролирующих воспроизводительные качества мясного скота (Ajmone-Marsan P. et al., 2002; Akey J.M. et al., 2002; Федин Г.И., 2012). Интересен тот факт, что при объединении 56 отдельных GWAS было выявлено 23 общих SNP с плейотропным воздействием на признаки веса и упитанности у людей и живой массы и линейных параметров размера тела у крупного рогатого скота (Bolormaa S. et al., 2016).

В большинстве случаев при MAS в качестве маркёров используют также однонуклеотидные полиморфизмы, которые выявляются с использованием апробированных и получивших широкое распространение методов, таких как полимеразная цепная реакция с последующим анализом полиморфизма длины рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ), аллель специфичная ПЦР (AS-PCR), полиморфизм длин продуктов амплификации (AFLP), а также метод секвенирования (sequencing) (Barendse W. et al., 1997; 1999; Campbell D. et al., 2004; Конова Л.В., Шарко Г.Н., Михайленко Т.Н., 2018).

*ПЦР-ПДРФ* является наиболее распространенным и доступным по стоимости методом выявления однонуклеотидных полиморфизмов. Метод включает в себя выявление участка исследуемого гена, который несет сайт узнавания для эндонуклеазы (фермента, расщепляющего молекулы ДНК) и его последующее

разрезание соответствующей рестриктазой. Недостаток этого метода состоит в том, что тестирование возможно проводить только на наличие известных мутаций, входящих в рестрикционные сайты (Зиновьева Н.А., 2001; Lai S.J. et al., 2006; Mohammadabadi, M.R., 2010; Peakall R., 2012; Shakirov S.K., 2014).

*Аллель-специфическая ПЦР (AS-PCR)* также является одним из методов прямого обнаружения известных однонуклеотидных полиморфизмов. С помощью аллель-специфической ПЦР возможно обнаружить малое количество мутантных ДНК на фоне десятков молекул ДНК исходного типа. При этом исследование проводится как методом электрофореза в агарозном геле, так и в режиме реального времени. Недостатком метода аллель-специфической ПЦР при использовании в реальном времени является дороговизна специальных аллель-специфических флуоресцентных зондов. При использовании в агарозном геле электрофорезе – ограниченность поиска мутаций, а также возможна вероятность ложноположительных результатов, в особенности при работе с гетерозиготами (Lai S.J., Liu Y.P., Liu Y.X. et al., 2006).

*Полиморфизм длин продуктов амплификации (AFLP)* – один из самых сложных методов анализа, суть которого состоит в том, что используют в качестве матрицы фрагменты ДНК, полученные после рестрикции, легированные со специфическими однонуклеотидными адаптерами и проводят избирательную амплификацию со специально сконструированными праймерами. Этот тип маркёров эффективно используется для геномного картирования сельскохозяйственных животных, а также в филогенетических и популяционных исследованиях (Ajmone-Marsan P. et al., 2002; Negrini R. et al., 2006).

*Секвенирование* является самым современным, точным и перспективным методом определения однонуклеотидных полиморфизмов, а также других видов мутаций. Секвенирование позволяет определить нуклеотидные последовательности ДНК и РНК и получить представление об их первичной структуре (Davey J.W., Hohenlohe P.A., Etter P.D., Boone J.Q. et al., 2011), а также информацию о нуклеотидной последовательности в количественном и качественном аспекте и определить характеристики и последовательности отдельных генов, интересу-



ющих исследователя. Это дает возможность анализировать такие процессы, как метилирование (модификация молекулы ДНК без изменения самой нуклеотидной последовательности ДНК), пloidность (число одинаковых наборов хромосом, находящихся в ядре клетки или в ядрах клеток многоклеточного организма), аллелофонд, гетерозиготность и смешанные генотипы в гетерогенных образцах (Evrony G.D., Cai X., Lee E. et al., 2012). Недостатком метода является то, что при массовом анализе образцов секвенирование является довольно трудоемким и дорогостоящим методом.

На сегодняшний день факторами, ограничивающими применение маркер-ассоциированной селекции, являются недостаток знаний о регуляции работы генов, взаимосвязи их структурных функций, также не до конца известно, каким образом структура гена реализуется в фенотипическом признаке (Grisart B. et al., 2002; Aravin A., Tuschl T., 2005; Зиновьева Н.А. и соавт., 2016).

Чтобы использовать ДНК-маркеры в селекции по тому или иному признаку, необходимо располагать информацией о нуклеотидных последовательностях генов, контролирующих признак, и о сцепленных с ним маркерах. Ген, предположительно оказывающий влияние на продуктивные признаки, называют геном-кандидатом, и они могут служить в качестве маркеров сцепления с другими генами, влияющими на признак (Andersson L., 2001).

Наиболее перспективными маркерами мясных характеристик крупного рогатого скота являются гены *MSTN*, *CAPN*, *CAST*, *GH*, *LEP*, *TG*, *FABP*, *RORC*, *DGATI*, *SCD*, и это далеко не все изученные зарубежными и российскими учеными гены-маркеры продуктивных признаков. И по настоящий момент интерес ученых-исследователей всего мира обращен к поиску новых генов-кандидатов и их желательных генотипов (аллельных вариаций), связанных с селекционно значимыми продуктивными показателями.

Ген миостатина (myostatin, *MSTN*) – ген мышечной дифференцировки, кодирует один из четырех основных миогенных регуляторных факторов семейства MRF (myogenic regulatory factors). Именно ген миостатина и его белковый продукт играют ключевую роль в развитии мышечной ткани в эмбриональном

и постэмбриональных периодах (Bellings R.H., Liberles D.A., Iaschi S.P., O'Brien P.A., Tay G.K., 2005).

У большинства млекопитающих *MSTN* имеет схожее строение и состоит из трех экзонов и двух интронов. У разных видов животных *MSTN* локализуется на разных хромосомах. У крупного рогатого скота *MSTN* (аллели – *A* и *B*; генотипы – *AA*, *AB*, *BB*; желательная для селекции аллель – *A*), расположен на 15 хромосоме. Общая протяженность гена составляет 2763 нуклеотида. В состав первого экзона входит нетранслируемая область, протяженность которой составляет 342 нуклеотида. Протяженность кодирующей части первого экзона составляет 592 нуклеотида. Во втором экзоне содержится 78 нуклеотидов. В третьем экзоне содержится 980 нуклеотидов, из которых 264 нуклеотида расположены в кодирующей части, остальные 716 нуклеотидов расположены в некодирующей области. В первом интроне расположено 505 нуклеотидов, а во втором – 266 нуклеотидов (Georges M. et al., 1987; Khasanah H. et al., 2016).

По данным dbSNP NCBI (database of Single Nucleotide Polymorphisms National Center for Biotechnology Information), в области *MSTN* у крупного рогатого скота обнаружено 85 однонуклеотидных замен. В клетках-мишенях гена обнаружено 14 однонуклеотидных замен, в области интронов выявлено 52 SNP, в области экзонов – 19 SNP, двенадцать из которых приводят к аминокислотной замене.

Таким образом, белковый продукт *MSTN* играет ключевую роль в активации экспрессии генов, необходимых для дифференцировки миобластов в мышечные волокна (миотубы) (Smith J.A. et al., 2000). Фактор *MSTN* имеет важное значение для регулирования постнатальной миогенной программы сателлитных клеток, обеспечивающей регенерацию мышечной ткани (Шурыгин М.Г. и др., 2015). Это подтверждается тем, что у лабораторных мышей с выключенным *MSTN* резко снижается регенерация мышечной ткани.

Являясь ингибитором мышечного роста, *MSTN* представляется ведущим маркером для генетики и селекции в животноводстве.

Анализ *MSTN* у животных породы бельгийской голубой породы выявил делецию 11 нуклеотидов экзона 3 в позиции 937–947, которая приводит к сдвигу рамки считывания на функционально важном участке, кодирующем зрелый миостатин. Более того, все животные этой породы являются гомозиготами по этой мутации, то есть неспособными синтезировать миостатин (Kambadur R., Sharma M., Smith T.P. et al., 1997). Мутации *g.691C>A*, *g.783G>A*, *g.1274G>A*, *g.2271C>G* – *MSTN* у данной породы были предложены в качестве маркера мясной продуктивности. По результатам исследования данные замены влияют на интенсивность роста животного, определяя так называемый двойной мускульный фенотип (Bhuiyan M.S.A., Kim N.K., Cho Y.M., Yoon D. et al., 2009). Также было показано, что не только делеции, но и некоторые из одиночных нуклеотидных замен, выявленных в гене миостатина, в некоторых случаях имеют взаимосвязь с продуктивными качествами, такими как скорость роста, качество мяса и репродукция (Grobet L. et al., 1998).

Двойной мускулистый фенотип является наследуемым состоянием, приводящим к увеличению количества мышечных волокон (гиперплазия), а не к нормальному увеличению отдельных мышечных волокон (гипертрофия). Таким образом, порода обладает повышенной способностью превращать корм в мышечную массу, однако при этом наблюдается пониженное содержание жира, что определяет несколько меньшую нежность мяса (Глазко Т.Т. и соавт., 2008).

Гены кальпаин-кальпастатиновой системы (*calpain*, *CAPN1*, и *calpastatin*, *CAST*) – одни из генов-кандидатов, непосредственно ассоциированных с «нежностью» и «мраморной» структурой мяса. Доказано, что в декомпозиции мышечной ткани, происходящей после убоя, активное участие принимают белки именно кальпаин-кальпастатиновой системы (Schenkel F.S. et al., 2006; Miquel M.C. et al., 2009; Сурундаева Л.Г. и соавт., 2012; Мачульская Е.В. и соавт., 2017).

Система кальпаинов (аллели – *C* и *G*; генотипы – *CC*, *CG*, *GG*; желательная для селекции аллель – *C*) контролирует функцию ослабления связей между пучками мышечных волокон, вследствие декомпозиции так называемых

Z-дисков скелетной мускулатуры кальций-зависимой цистеин-протеазы, создает условия для равномерного распределения внутримышечного жира между волокнами, что и обеспечивает «мраморность» мяса и, следовательно, его нежность и сочность (Koohmaraie M., 1992). Кальпаины кодируются большой субъединицей  $\mu$ -кальпаина, локализован в 7 хромосоме крупного рогатого скота. Этот ген состоит из 22 экзонов и имеет размер около 30 тыс. пар нуклеотидов. В кодирующей части кальпаинов были обнаружены две несинонимические замены (*C* на *G* и *A* на *G*), которые приводят к изменениям в аминокислотной последовательности в положениях 316 (глицин на аланин) и 530 (валин на изолейцин). Было установлено, что у гомозиготных по этим аллелям (*C*316 и *G*530) животных мясо обладает повышенной нежностью, в связи с этим они представляют наибольший интерес как для изучения, так и для внедрения в практической селекции (Chung H.Y. et al., 1999; Cierloch A., 2017).

Исследования отечественных и зарубежных ученых-селекционеров, проведенные на группах скота абердин-ангусской и герефордской пород, показали, что скот, гомозиготный или гетерозиготный по желательному аллелю *C* – *CAPNI* (генотипы *CC* или *CG*), отличается большей нежностью и на 14–20% выраженностью «мраморности» по сравнению с животными, несущими генотип, гомозиготный по аллелю *G* (генотип *GG*) (Allais S. et al., 2011; Surundaeva L.G. et al., 2012; Лысенко Н.Г. и соавт., 2016; Сонич Н.А. и соавт., 2019).

Так, Corva et al. (2007) обнаружили, что мясо от чистопородных и помесных бычков от скрещивания пород лимузин, абердин-ангусской и герефорд с генотипом *CC* имело меньшее сопротивление к резанию, т.е. было более нежным, чем мясо от носителей *GG*-генотипа. Частота встречаемости желательной аллели по всем породным группам составила 0,39.

В работе Н. Chung, М. Davis (2012) была показана связь полиморфизма *CAPNI* с силой сопротивляемости к разрезанию говядины, а в исследовании Х. Li et al. (2013) – с уровнем «мраморности» мяса и с изменением его окраски после шести дней созревания.

Leal-Gutiérrez J.D. et al. (2018) исследовали влияние породного генотипа, а также осуществляли поиск SNP в генах  $\mu$ -кальпаина и кальпастина, влияю-

щих на нежность мяса, получаемого от помесей различного поколения пород брахма и абердин-ангусской. Было установлено, что бычки, имеющие 80% генофонда абердин-ангусской породы, имели более нежное мясо. Кроме того, были выявлены 16 SNP в гене  $\mu$ -кальпаина и 28 SNP – кальпастатина, ассоциированные с этим признаком.

Самая высокая частота встречаемости желательного аллеля – *C* наблюдается в японской породе «Вагю» – 76%, далее следует абердин-ангусская порода – 71% (Campbell D. et al., 2004; Juszczuk-Kubiak E. et al., 2004; Miquel M.C., 2009; Vonilla C. A. et al., 2010).

В каргалинском мясном типе крупного рогатого скота телочки *CC*-генотипа *CAPNI* превосходили сверстниц с генотипом *GG* и *CG* в возрасте 205 суток на 5,4 и 2,7 кг, или 2,88 и 1,42% соответственно, а к концу выращивания разница составила 24,9 и 20,5 кг (7,67 и 6,23%,  $P > 0,95$ ; 0,99). По предубойной живой массе и содержанию мякоти превосходство телок-носителей желательного гомозиготного генотипа над *GG*-генотипом составило 15,09 и 16,37% ( $P > 0,95$ ), что обосновывает их предпочтительное использование в селекции (Сурундаева Л.Г., Маевская Л.А., 2015).

Аналогичные закономерности были отмечены для животных внутривидного типа «Айта» калмыцкой породы. При этом авторы указывают, что бычки с генотипом *CC* отличались большим уровнем гемоглобина, альбуминов, глобулинов, активности ферментов переаминирования, а также имели больший средний диаметр мышечных волокон по сравнению бычками *GG*- и *GC*-генотипов соответственно на 6,41 и 5,61 мкм, или 14,11 и 12,13% (Сурундаева Л.Г., Косян Д.Б., Сипайлова О.Ю. и соавт., 2017).

Другим геном, ассоциация которого с признаками продуктивности показана в ряде работ, является ген гормона роста, или соматотропин (*gene hormone, GH*) – эндогенный фактор с лактогенным, инсулиноподобным, жиромобилизирующим и нейротропным действием. Биологический его эффект заключается в регуляции и стимуляции метаболизма, а также влияет на процессы лактации. Продуцируемый передней долей гипофиза, является одним из важнейших регу-

ляторов синтеза соматического роста животных и, соответственно, играет ключевую роль в обменных процессах (углеводном и жировом). Функционирование системы гормона роста представляется в виде целого ряда последовательных молекулярных процессов, в которых принимают участие десятки других белков/пептидов. Компоненты этой системы участвуют в запуске секреции гормона роста, его транспорте в кровотоке, в передаче гормонального сигнала в клетке-мишени (внутриклеточный сигналинг) и, наконец, в целенаправленных изменениях генной экспрессии в клетках-мишенях (Woollard J., Schmitz C.B., Freeman A.E., Tuggle C.K., 1994; Selionova M.I., 2017; Чижова Л.Н., Суржикова Е.С., Ковалева Г.П., 2017; Бейшова И.С., 2018).

Последовательность нуклеотидных оснований гормона роста крупного рогатого скота в большей части сходна с таковой у человека. Сегодня фармацевтические лаборатории синтезировали данный ген в химико-биологических процессах человеческого организма, и были созданы биологически активные добавки и инъекции, пользующиеся большой популярностью у культуристов в фитнес-индустрии (Hartatik T. et al., 2020).

Ген бычьего гормона роста (*bGH*) картирован на 19 хромосоме и является участником мультигенного семейства, которое включает также пролактин и плацентарные лактогены (Hediger R. et al., 1990). Его протяженность составляет примерно 2000 пар оснований и включает пять экзонов (I-V), которые кодируют матричную РНК размером 786 пар оснований, и четыре интрона (Gordon D.F. et al., 1983). У представителей различных пород крупного рогатого скота было описано несколько полиморфных вариантов гена *GH*. Большая часть выявленных полиморфных сайтов расположена в нетранслируемых интронах, некоторые в регуляторной последовательности, и лишь один из них расположен в транслируемой области пятого экзона, в положении 2141 и представляет собой трансверсию *C (Leu) → G (Val)*. Как раз она и привлекает наибольшее внимание в исследованиях, связанных с поиском ассоциаций полиморфных вариантов гена гормона роста с признаками мясной и молочной продуктивности у крупного рогатого скота (Lucy M.C. et al., 1993; Zhang H.M. et al., 1993). Приводящий к

аминокислотной замене *Val* на *Leu* полиморфизм ассоциирован с приростом живой массы и отложением жира в мышечной ткани (мраморность) (Tatsuda K. et al., 2008; Katoh K. et al., 2008; Waters S.M. et al., 2011; Lee J.H. et al., 2013; Чинова Л.Н. и соавт., 2017;).

В исследованиях S. De, M.D. MacNeil et al. (2004), Katoh K. et al. (2008), Lee J.H. et al. (2013) продемонстрировано, что аллельный полиморфизм *GH*, *LEP* и *TG* влияет на качество мяса, а также на толщину жировой прослойки между волокнами мышечной ткани у японской черной породы, а также у ее помесей от скрещивания с породой лимузин.

Kono S. (2005), Oka A. et al. (2007) выявили, что средняя масса бычков японской черной породы с генотипами *AA* и *AB-GH* была достоверно выше, чем у телят с генотипом *BB*. Кроме того, в плазме крови *AA*- и *AB*-генотипов был выше и уровень соматотропного гормона.

В другом исследовании, выполненном на японской породе черного мясного скота, показано влияние полиморфизма *GH* на убойные показатели туш и состав жирных кислот жира. Бычки-носители аллели *A* имели бóльшую толщину ребер и более низкую температуру плавления жира, аллелей *B* и *C* – большее содержание  $C_{18:1}$ , а носительство аллели *C* ассоциировалось с большим содержанием мононенасыщенных и ненасыщенных жирных кислот. У телочек кроме указанных закономерностей присутствие аллели *A* оказывало положительное достоверное влияние на массу туши, площадь мышечного глазка, толщину ребра и подкожного жира, аллели *B* – на площадь мышечного глазка, толщину ребра (Ardiyanti A. et al., 2009).

В работе И.Ф. Горлова и соавт. (2014) была определена частота аллелей и генотипов по *GH* у животных казахской белоголовой породы российской и казахстанской селекции. Благоприятные генотипы *GG (Val/Val)* по *GH* встречались в обеих популяциях. При этом было установлено, что частота аллеля *G (Val)*, контролирующего проявление мясных признаков, у животных российской селекции была ниже, чем у казахстанской. Генотип *CC (Leu/Leu)*, ассоциирован-

ный с большой массой туш, чаще встречался у животных казахской белоголовой породы российской селекции.

В работах Ю.Ф. Заяс (1970) отмечается, что в мясе крупного рогатого скота, в котором присутствуют желательные аллели *GH*, в большем количестве содержатся полезные жирные кислоты омега-3 и омега-6. По данным J.A. Smith, A.M. Lewis, P. Wiener, J.L. Williams (2000), в таком мясе выше содержание холина, который предотвращает образование желчных камней и нормализует жировой обмен.

Следовательно, изучение полиморфизма *GH* является перспективным с точки зрения поиска маркёров, ассоциированных с признаками мясной продуктивности сельскохозяйственного скота (Селионова М.И. и соавт., 2017).

Лептин (*leptin, LEP*) – гормон, вырабатываемый адипоцитами – клетками жировой ткани, играет важную роль в метаболизме, в частности в накоплении жира в организме. Лептин вовлечен в регуляцию пищевого поведения, влияет на функционирование иммунной системы, репродуктивные функции, а также на рост и конституцию животных (Zhang H.M., 1993; Barendse W., Bunch R.J., Harrison B.E., 1999). Он интересен для селекции тем, что во многом определяет не только мясную, но и молочную продуктивность, содержание компонентов в молоке (белка, жира) и, что не менее важно, связан с продуктивным долголетием сельскохозяйственных животных (Larson B.A. et al., 1976; Bonnet M. et al., 2002; McFadin E.L. et al., 2002).

У крупного рогатого скота *LEP* расположен в 4 хромосоме. Он состоит из 3 экзонов и 2 интронов, из которых только 2 экзона транслируются в белок. Структурно лептин представляет собой протеин, состоящий из 167 аминокислот и включающий 21 аминокислотную сигнальную последовательность (Liefers S.C. et al., 2002). Для гена лептина в современной литературе описано около 60 SNP – полиморфизмов (Sedykh T.A. et al., 2016; Selionova M.I. et al., 2019). Ген лептин представлен тремя локусами: *LEP-R25C*: аллели – *R* и *C*; генотипы – *RR*, *RC*, *CC*; *LEP-A80V*: аллели – *A* и *V*; генотипы – *AA*, *AV*, *VV*; *LEP-Y7F*: аллели – *Y* и *F*; генотипы – *YY*, *YF*, *FF* (Li X. et al., 2013).



У бычков герефордской породы, разводимых в Республике Башкортостан, выявлено большее распространение генотипа *AA-LEP-A80V* – 68,4%, в породе лимузин – генотипа *AB* – 6,5% (Saatchi M. et al., 2013; Sedykh T.A. et al., 2016).

*LEP* и его полиморфизм изучаются в большей мере в связи с энергообменом у скота мясных пород и молочной продуктивностью у молочных пород, также от *LEP*-генотипа главным образом зависит продолжительность функционального использования животных (Bonnet M., 2002; Liefers S.C. et al., 2002, 2003; Komisarek J., 2010; Kadlecova V. et al., 2014; Мачульская Е.В., Ковалюк Н.В., 2015).

Ген тиреоглобулин (*TG5*) – ген гормона щитовидной железы *TG5* считается геном-кандидатом для QTL, оказывающим влияние на способность накапливать жиры. Расположен на 37 центромерном конце 14 хромосомы и содержит 37 экзонов. Ген тиреоглобулина у крупного рогатого скота впервые был секвенирован Дж. Парма и его соавторами. Многие исследования показали, что у скота молочного направления тиреоглобулин оказывает влияние на выход молочного жира и его процентное содержание в молоке. Однако *TG5* рассматривается в качестве позиционного и функционального гена-кандидата, связанного с качеством мяса. Точный механизм влияния полиморфизма *TG5* на формирование качественных признаков мясной продуктивности еще неизвестен, но установлена связь его аллельных вариантов *T* и *C* (генотипы *TT*, *TC*, *CC*) с «мраморностью», в частности с содержанием внутримышечного жира в длиннейшей мышце спины (Bonilla C.A., 2010; Харзинова, В.Р., 2011; Sedykh, T.A., 2016; Каюмов Ф.Г., 2018).

Так, исследования, проведенные на коммерческих линиях скота абердин-ангусской породы, разводимых в России, а также в группах скота породы зарубежной селекции Wague, показали, что животные, гомо- или гетерозиготные по аллелю *T* (генотипы *TT* или *CT*), отличаются более высокой «мраморностью» по сравнению с животными, несущими генотип, гомозиготный по аллелю *C* (генотип *CC*). В группах скота породы Wague различия в степени мраморности между гомозиготными генотипами достигали 14–20%. Таким образом, гомозигот-

ный генотип *TT* может обеспечить высокий уровень продуктивности не только молока, но и «мраморности» мяса (Сониц Н.А., 2019).

Учеными также установлены различия и по встречаемости различных генотипов по *RORC* – *C*-рецептор ретиноевой кислоты относится к семейству рецепторов тироидных и стероидных гормонов щитовидной железы, который активно экспрессируется в скелетных мышцах. В 1-м экзоне *RORC* (*g:3984A>G*) была выявлена однонуклеотидная замена *G* на *A*, ассоциированная с «мраморностью» мяса у крупного рогатого скота (Maj A. et al., 2006; Lin B.Z., Sasazaki S. et al., 2009; Waters S.M. et al., 2011).

Однонуклеотидные замены в *RORC* впервые были изучены у животных с высокой степенью воздействия на мышечные миофибриллы и образования «мраморности» мяса, у японского черного скота (*Wague*) встречаемость 71,3%, в данных исследованиях было выявлено, что более выраженной «мраморностью» характеризовались животные с генотипом *GG* (Barendse W., Bunch R.J., Kijas J.W., Thomas M.B., 2007).

Результаты молекулярно-генетических исследований генофонда скота англусской и шортгорнской пород (австралийской селекции) показали, что генофонд этих популяций имеет довольно высокое сходство. При этом по ряду генов имелись определенные различия. Так, генотип *GG* по *RORC* на 12,6% чаще встречался в популяции абердин-англусской породы, а генотип *AG* – на 12,5% у популяции шортгорнской породы. Данные показатели свидетельствуют о том, что *RORC* перспективен для изучения и на российских породах скота с точки зрения повышения качественных показателей мясной продукции (Перчун А.В. и соавт., 2013; Горлов И.Ф., 2014).

Ген диацил-глицерол-ацилтрансферазы-1 (*DGAT1*) также признан одним из генов-кандидатов мясной продуктивности сельскохозяйственных животных. Роль *DGAT1* в липидном обмене заключается в участии фермента в процессе преобразования углеводов в жиры и сохранению их в жировых депо. *DGAT1* оказывает прямое влияние на энергетический баланс тела и метаболические функции крови (Kuhn C. et al., 2004). Учеными установлено, что мягкость мяса зависит от струк-

туры жирных кислот. Жир крупного рогатого скота состоит в основном из шести жирных кислот, в число которых входит одна из насыщенных жирных кислот – стеариновая кислота. Стеариновая кислота препятствует отложению жира и повышает температуру его плавления. Олеиновая кислота, напротив, делает жир более мягким и с более низкой температурой плавления. Мясо, содержащее мягкие жиры, обладает более высокими вкусовыми качествами и более полезно для здоровья.

У крупного рогатого скота *DGAT1* картирован на 14 хромосоме. Так были тестированы SNP, локализованные в нуклеотидных позициях 10433 и 10434 белок-кодирующей области *DGAT1* – 8 экзона. В позиции 10433 происходит замена G на A, в позиции 10434 – замена C на A. Одновременная замена в двух позициях на A приводит к исчезновению сайта рестрикции для эндонуклеазы Cfr1 и замене лизина (аллель K) на аланин (аллель A) в белковом продукте (K232A полиморфизм). Выявлено, что A-аллель *DGAT1* ассоциирован с более низким содержанием стеариновой кислоты, отрицательно влияющей на «нежность» мяса и, соответственно, предпочтительнее для получения высококачественного мяса. Также было продемонстрировано, что A-аллель с высокой частотой встречаемости присутствует среди аборигенных пород европейского буйвола, индийского зебу, яков и азиатского буйвола (Bruford M.W. et al., 2003; Freeman A.R. et al., 2006; Goddard M.E. et al., 2009; Li X., Ekerljung M., Lundstrom K., Lunden A., 2013). В свою очередь, лизин-кодирующий аллель K ассоциирован с более высоким содержанием жира в молоке. У животных с генотипом K/K активность *DGAT1* была более чем в 5 раз выше по сравнению с A/K и A/A (Kadlecova V., 2014).

У российских пород крупного рогатого скота полиморфизм данного гена изучен недостаточно. В молочном скотоводстве *DGAT1* в первую очередь рассматривался как маркерный ген жирномолочности, поскольку животные – носители аллеля K-*DGAT1* имеют более высокие показатели массовой доли жира в молоке. Однако А.В. Перчуном (2014) получены данные о том, что ремонтные телки костромской породы с генотипом AA-*DGAT1* имели большую живую массу, но статистически достоверных различий им не установлено, что может говорить об отсутствии влияния *DGAT1* на величину динамики живой массы. Тем не

менее имеются сведения И.Ф. Горлова и соавт. (2014) о достоверном влиянии полиморфизма *DGAT1* на повышение у животных абердин-ангусской и русской комолой пород выхода мяса и в целом на показатели мясной продуктивности.

Учитывая вышеизложенное, определение параметров весового роста телок для последующего отбора лучших генотипов по маркерным аллелям *DGAT1* у скота как молочного, так и мясного направлений является актуальным и требует более детального изучения на разных породах.

Ген стерол-С<sub>о</sub>Адесатуразы (дельта-9-десатураза, SCD) кодирует ключевой фермент синтеза жирных кислот. На сегодняшний день известно, что однонуклеотидный полиморфизм (С на Т в 5 экзоне SCD (с:878С>Т)) приводит к замене аминокислоты валин на аланин в продукте гена, что в свою очередь влияет на состав жирных кислот в жировой ткани животных (Barendse W., 1997; Перчун А.В. с соавт., 2013, 2014).

Зарубежные учеными Х. Li, М. Ekerljung, К. Lundstrom, А. Lunden (2013) на особях японской черной породы крупного рогатого скота Wague было установлено, что лучшими вкусовыми качествами обладало мясо животных, несущих в своем генотипе аллель С, за счет более высокого содержания мононенасыщенных жирных кислот (Oka A., Iwaki F., Iwamoto E., Tatsuda K., 2007).

Изучение полиморфизма данного гена в России проводилось на животных костромской породы, швицкой американской селекции, а так их гибридах. Установлено, что разница в частоте встречаемости генотипов у чистопородных животных костромской породы и обеими группами животных с различной долей кровности по швицкой породе как с кровностью менее 50% так и животными с долей кровности более 50% ( $P < 0,001$ ). Наиболее желательный для проявления мясных качеств генотип С/С SCD с большей частотой представлен у помесных животных. Однако особи с гетерозиготными генотипами в этой группе составляли 60%, что при грамотной селекции может сбалансировать ситуацию (Перчун А.В, Лазебная И.В., 2013).

Таким образом, анализ научной литературы показывает, что на сегодняшний день наиболее перспективным, быстрым и точным методом для оценки и

прогнозирования продуктивных признаков сельскохозяйственных животных является маркёр-ассоциированная селекция. Генотипирование животных позволяет в раннем возрасте выявить носителей желательных аллелей по целому ряду генов, ассоциированных с признаками продуктивности, и создать им необходимые условия для наиболее полной реализации генетического потенциала. Целевой направленный подбор родительских пар с известным генотипом позволит значительно быстрее обеспечить селекционный прогресс в стадах и тем самым вывести качественные и количественные показатели производимой продукции на необходимый для рентабельного производства животноводческой продукции уровень.

#### **1.4. Применение гистологического анализа при исследовании мяса сельскохозяйственных животных разных генотипов**

Изучение процессов изменения конфигурации мышечной ткани у сельскохозяйственных животных актуально в связи с рассмотрением вопроса взаимозависимости признаков мясной продуктивности от различных факторов (Будаева А.Б., Козуб Ю.А., Рядинская Н.И., Табакова М.А., 2019).

В широком понимании гистологические методы исследования позволяют выявить особенности микроскопического строения отдельных органов и тканей, что является важным эмпирическим материалом для всего комплекса морфологических дисциплин: сравнительной анатомии, эволюционной и функциональной морфологии. Кроме того, гистологическая техника позволяет оценить состояние внутренних органов. Это дает ценный материал при изучении различных аспектов биологии отдельных групп животных (размножение, адаптации к неблагоприятным условиям среды, рост и развитие и т.д.) (Newman P.B. 1987; Белоусов А.А., Хвыля С.И., 2009; Chmiel M., 2013).

Одним из наиболее широко используемых видов гистологических препаратов является срез. Вся процедура изготовления препаратов такого вида состоит из следующих этапов: вырезка образца; фиксация (формалин); подготовка к заливке в парафин (дегидратация, просветление, пропитка парафином); нарезка

образца, заключенного в парафин, на тонкие срезы (микротомия); подготовка к окрашиванию и перенос срезов на стекло; окрашивание; заключение срезов под покровное стекло (Белоусов А.А. с соавт., 2010).

За прошедшие годы гистологические методы были во многом модифицированы, в результате чего технические возможности микроструктурного анализа мяса и его продуктов существенно расширились. В распоряжении ученых сегодня находится самое современное аналитическое, гистологическое, оптическое и компьютерное оборудование. Программа морфоструктурных исследований постоянно совершенствуется, освещая вопросы использования современных микроструктурных методов, а также актуальные проблемы контроля качества мясного сырья и продукции.

Гистологическими методами проводится экспертиза качества пищевых продуктов (мясо различных видов полуфабрикатов и готовой продукции) на предмет фальсификации, при этом гистологические препараты могут служить юридическим основанием при решении арбитражных разногласий, и в том числе для проведения экспертиз независимыми компетентными организациями (Randulova Z. et al., 2011; Лисицын А.Б. и соавт, 2020).

Определена связь между структурными особенностями мясного сырья и его изменениями в таких технологических процессах, как замораживание мяса, его посол и тепловая обработка, массирование мясного сырья и в других технологических обработках. Показано, что данные, получаемые методами микроструктурного-гистологического анализа мяса-сырья и его продукции, целесообразно как можно шире применять как в селекционных программах на первых этапах при разведении скота на мясо, так и при создании новых технологий переработки мясной продукции (Хвыля С.И., Пчелкина В.А., Бурлакова С.С., 2011).

Особенности гистологического строения мышц, связанные с породой, возрастом, условиями развития животных, до настоящего времени не являются вполне изученными. Имеется мнение, что количество мышечных клеток увеличивается в период эмбрионального развития, а после рождения животного уве-

личение мышц происходит только в результате укрупнения волокон. Они утолщаются и удлиняются, но количественно в постэмбриональный период не изменяются. По мере укрупнения мышечных волокон уменьшается их число, приходящееся на единицу площади мускулатуры. При этом установлено, что диаметр волокон разных мышц увеличивается с различной скоростью (Скалинский Е.И., Белоусов А.А., 1978). Так, диаметр длиннейшей мышцы у 28-месячных телок казахской белоголовой породы по сравнению с 9-дневными животными увеличился на 213%, трапециевидной – на 237%, а межреберной – на 283% (Адуцкевич В.А. и соавт., 1973).

В ряде исследований V.P. Dayton (1989), M. Pospiech (2011) показано, что величина диаметра мышечных волокон зависит от породы. При одинаковых условиях выращивания у крупного рогатого скота специализированных мясных пород диаметр выше, чем у помесей и животных молочных пород.

Так, у животных красной степной породы площадь поперечного среза наиболее мелких из мышечных волокон не превышала  $28\,356,6\text{ мкм}^2$ , тогда как самых крупных достигала  $144\,013,4\text{ мкм}^2$ . Соответственно у бычков костромской и калмыцкой пород наименьшая площадь была на уровне  $24\,345,5\text{ мкм}^2$  и  $21\,562,9\text{ мкм}^2$ , наибольшая  $168\,342,4\text{ мкм}^2$  и  $159\,678,2\text{ мкм}^2$ .

При измерении диаметра мышечных волокон выявлено, что его величина в длиннейшей мышце спины у красной степной породы колебалась в сравнительно больших пределах – от 8 мкм до 63 мкм, но подавляющее большинство волокон (73%) имело диаметр в пределах 20–40 мкм. У костромской породы диаметр мышечных волокон варьировался от 9 мкм до 67 мкм, у калмыцкой – от 8,3 мкм до 73 мкм. Наиболее высокий показатель среднего диаметра волокон был у животных костромской породы – 37,82 мкм, тогда как самые тонкие волокна оказались у бычков калмыцкой породы – 32,50 мкм. Бычки красной степной породы по данному показателю занимали промежуточное положение с диаметром 33,08 мкм.

Процентное отношение мышечной ткани в длиннейшей мышце спины по породам составило: костромская – 75,3%, калмыцкая – 79,7% и красная степная – 75,7%. В разрезе пород наибольшая величина эндомизия у бычков костромской породы: 8,25 мкм, наименьшая – у бычков красной степной породы: 7,67 мкм, а у калмыцкой породы этот показатель был равен 7,83 мкм. Делается заключение о том, что нежность мяса в значительной мере зависит от сочетания диаметров мышечных волокон с количеством соединительной ткани (Фириченков В.В., 2009).

В исследовании Ю.А. Будаевой и соавт. (2019) было показано, что длиннейшая мышца спины бычков черно-пестрой и казахской белоголовой породы имела неодинаковое внутреннее строение, которое выразилось в разнице площади поперечного сечения мышечных пучков. У бычков мясного направления продуктивности она была в 0,8 раза меньше за счет большей степени развития эпимизия и перимизия мышечных волокон, при этом мясо таких животных получило наиболее высокую оценку за вкусовые качества при органолептическом методе исследования.

В ряде исследований показано, что диаметр мышечных волокон, величина их пучков, ширина соединительнотканых прослоек, формирующих строму мышцы, имеют большое значение в комплексе с другими параметрами в формировании вкусовых качеств, в частности такими как сочность и нежность мяса (Дмитрик И.И., Селионова М.И., Завгородняя Г.В., 2019).

И.И. Дмитрик и С.А. Христенко (2011) указывают, что при исследовании мышечной ткани бычков герефордской породы гистологическими методами получаемые данные объективно характеризуют качественные характеристики мяса: количество мышечных волокон на единицу площади, их диаметр, процент соединительной ткани, а также прослеживается «архитектоника» межмышечных жировых включений, определяющих «мраморность» мускульной ткани.

В свете настоящей работы особый интерес представляют данные о связи показателей морфологического строения мышечной ткани с генотипом животных.



При сопоставлении гистологического строения мышечной ткани бычков калмыцкой породы разных генотипов по гену *CAPN1* было установлено, что наибольший средний диаметр имели животные с генотипом *CC* – 51,85 мкм, что на 6,41 мкм (14,11%) больше по сравнению с аналогичными показателями, полученными от бычков с генотипом *GG*, и на 5,61 мкм (12,13%) – по сравнению с генотипом *GC* (Сурундаева Л.Г., 2015).

Анализ структурно-механических свойств мяса показал достоверное влияние генотипа на показатели нежности мяса, которое составило 52,5%, на долю других факторов приходилось 47,5%. Образцы как сырого, так и вареного мяса, полученные от животных с желательным генотипом *CC*, на 27,84% были нежнее, т.е. имели меньшее сопротивление при разрезании по сравнению с гетерозиготами. Они, в свою очередь, превосходили нежелательные генотипы на 22,28%. С увеличением срока созревания мяса показатели сопротивления образцов при резании улучшались. Интенсивнее это проходило у желательных гомозиготных генотипов. Авторы указывают, что животных с генотипом *CC* по гену *CAPN1* необходимо использовать для повышения количественных и качественных показателей мясной продуктивности крупного рогатого скота мясных пород как наиболее желательных (Сурундаева Л.Г., Косян Д.Б., Сипайлова О.Ю., Маевская Л.А. и соавт., 2017).

Гистоструктура мышц у бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам кальпаина и соматотропина не изучалась, что послужило обоснованием для включения этого вопроса в одну из задач настоящей диссертационной работы.

## 2. СОБСТВЕННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

### 2.1. Материал и методы исследований

**Условия проведения опыта.** Научно-исследовательская работа проводилась в период 2017–2020 гг. в СПК колхоз «Гигант» (Благодарненский район Ставропольского края), имеющем статус племенного завода по разведению мясного скота казахской белоголовой породы. На 01.01.2019 в хозяйстве содержалось 2663 животных данной породы, в том числе 1200 коров.

Быки-производители по живой массе соответствуют требованиям, предъявляемым к племенным животным казахской белоголовой породы. В возрасте двух лет имеют живую массу в среднем 585 кг, в три года – 734 кг, в четыре года – 787 кг, в пять лет и старше – 840 кг и выше. Лучшие особи весят 950 кг и более. Победитель выставки «Золотая осень – 2018» имел живую массу 1300 кг.

Стадо коров племзавода представлено в основном крупными (высота в холке 130 см) животными с длинным (косая длина туловища 143 см), глубоким (глубина груди 65 см) туловищем. Средняя живая масса коров старше трех лет составляет 600 кг. Отдельные особи достигают 720 кг. Средняя молочность, определенная по живому весу молодняка при отбивке, по данным бонитировки 2018 года составила 205 кг (с колебаниями от 181 до 257 кг). Племенные бычки при отбивке в 8-месячном возрасте имеют живую массу в среднем 225 кг, телочки – 215 кг.

Хозяйство расположено в центральной части Благодарненского района, который относится ко второй агроклиматической зоне Ставропольского края. Климат умеренно-континентальный, по природно-сельскохозяйственному районированию земельного фонда территория относится к умеренно засушливой степи, со среднегодовым количеством осадков 450–480 мм, в отдельные засушливые годы количество осадков не превышает 400 мм.

Зимой среднемесячная температура воздуха составляет 0...–3°C, в редкие дни понижается до –20°C. В последние годы в хозяйстве наблюдаются бесснеж-

ные зимы. Лето жаркое, среднемесячная температура воздуха составляет +25°C. Естественные сенокосы и пастбища располагаются на пахотно непригодных землях. Преобладающими типами растительности являются злаково-разнотравные группировки, состоящие из житняка, тонконога, типчака, прутняка, полыни, ковыля. Из посевных кормовых культур в хозяйстве культивируются люцерна желтая и синегибридная, эспарцет кубанский, кукуруза на силос, смешанные посевы овса с горохом и ячменя с горохом на сенаж, для выпаса скота и на сено.

Принятая технология содержания мясного скота предусматривает круглогодичное пастбищное содержание маточного поголовья на естественных пастбищах с включением в зимний период концентратов экструдированной смеси. Откорм осуществляется на площадке по рационам, рассчитанном на среднесуточный привес не менее 1000 г. Отъем телят – в 240 дней.

Во время проведения исследований группы подопытных животных содержались в гуртах в стойловом комплексе без привязи на несменяемой подстилке. В летнее время молодняк круглосуточно имел выход в выгульные дворы, в зимнее время – в течение дня. Кормление молодняка осуществлялось из металлических кормушек, установленных вдоль периметра выгульного двора. Поение животных проводилось из групповых поилок.

**Объектом исследования** служили быки-производители ( $n = 35$ ), коровы ( $n = 160$ ), телочки ( $n = 64$ ) и бычки ( $n = 93$ ).

**Методика генотипирования.** Для получения образцов ДНК кровь отбирали из яремной вены животных с использованием вакуумной системы S-Monovette с антикоагулянтом (K2 ЭДТА).

Генотипирование проводили в лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (г. Ставрополь). Выделение ДНК из проб крови осуществляли с использованием набора «DIAtomtmDNAprep» («Изоген», Москва) согласно протоколу производителя. В исследовании использовались образцы, в которых выход ДНК составлял 3–5 мкг/100мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0 ед.

Полиморфизм гена *GH* определяли с использованием ПЦР-ПДРФ метода с последующим рестрикционным анализом. Для проведения ПЦР использовались наборы «GenePakPCRCore» (IsoGeneLab, Россия). ПЦР осуществлялось на программируемом термоциклере «Терцик» фирмы «ДНК-технология» (Россия) в объеме 20 мкл, содержащем 5 мкл ДНК-пробы, 10 мкл ПЦР-растворителя и по 1,0 мкл праймеров: GH-F: 5'-gct-gct-cct-gag-cct-tcg-3' и GH-R: 5'-gcg-gcg-gca-ctt-cat-gac-cct-3'.

Аmplификация проводилась в соответствии с программой:

1-й этап (95 °C – 5 мин – 1 цикл);

2-й этап (94 °C – 45 сек, 65 °C – 45 сек, 72 °C – 45 сек (35 циклов);

3-й этап (72 °C – 7 мин – 1 цикл).

Аmplификаты расщепляли рестриктазой *Alu I* по следующей схеме полиморфизма:

Полиморфизм	Рестриктаза	Замена нуклеотида	Распознаваемый нуклеотид/аллель	Генотипы и соответствующие длины рестрикционных фрагментов
<i>Alu I</i> – полиморфизм гена гормона роста <i>GH</i>	<i>Alu I</i>	C→G	C/bGH- <i>Alu I</i> L	VV: 223 LV: 223+171+52 LL: 171+52

Полиморфизм обусловлен транзицией C→G, приводящей к замене аминокислоты лейцин на валин в последовательности аминокислот белка.

Сайтом узнавания для рестриктазы *Alu I* является последовательность AG↓CT. Распознаваемый ферментом аллель содержит нуклеотид C и обозначен как bGH-*Alu I* L. В случае присутствия G нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как bGH-*Alu I* V.

Число и длина фрагментов рестрикции определялись электрофоретически в 2% агарозном геле при УФ-свете после окрашивания бромистым этидием и анализировались с помощью видеосистемы гель-документирования «Взгляд» (Россия). В качестве маркера молекулярных масс использовался стандартный набор M 50 (IsoGeneLab, Россия) (рисунок 3).

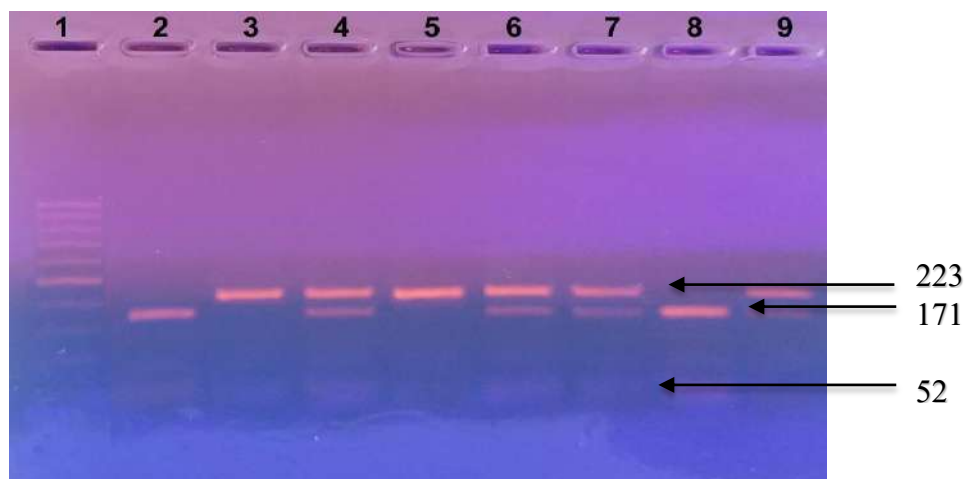


Рисунок 3 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гена соматотропина (GH) в агарозном геле: дорожки: **1** – ДНК-маркёр 50 bp; **3, 5** – генотип VV (223 п.н.); **4, 6, 7, 9** – генотип LV (223; 171; 52 п.н.); **2, 8** – генотип LL (171, 52 п.н.)

Генотипирование по гену *CAPN1* проводили на анализаторе нуклеиновых кислот (АНК-32) с использованием набора реагентов «CAPN1», предназначенного для определения одной бинарной SNP-мутаций С316G гена в пробах геномной ДНК в реальном времени (PCR-RT) с использованием аллель-специфичных зондов: 5' agc-agc-cca-cca-tca-gag-aaa-3' и 5' tca-gct-ggt-tcg-gca-gat-3' («Синтол», Россия). Амплификация осуществлялась в соответствии со следующим режимом:

- 1-й этап: 95 °С – 120 сек (1 цикл);
- 2-й этап: 64 °С – 40 сек (40 циклов);
- 3-й этап: 95 °С – 20 сек (40 циклов).

Ген кальпаина (*CAPN1*) – кальций зависимой протеазы, состоит из 22 экзонов и имеет размер около 30 п.н. В кодирующей части этого гена ранее были обнаружены две несинонимические замены, которые приводили к изменениям в аминокислотной последовательности в положениях 316 (глицин на аланин) и 530 (валин на изолейцин). Желательными аллельными формами, обеспечивающими получение мяса повышенной нежности, являются С316 и G530, и животные, гомозиготные по этим аллелям, представляют интерес для селекции по этому признаку (Минаев М.Ю., 2009; Selionova M.I. et al., 2017) (рисунок 4).

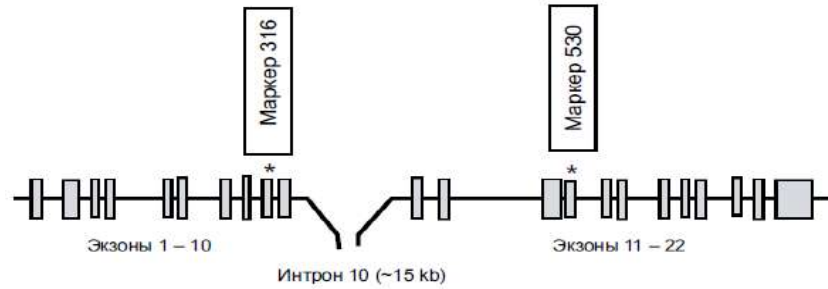


Рисунок 4 – Структура гена *CAPN1* и положение маркёров

Интерпретация результатов анализа исследуемых образцов проводилась по линиям графика – гомозиготы *CC* – одна зеленая линия (сигнал FAM), гетерозиготы – две линии – зеленая и красная (сигналы FAM и R6G) (рисунок 5).

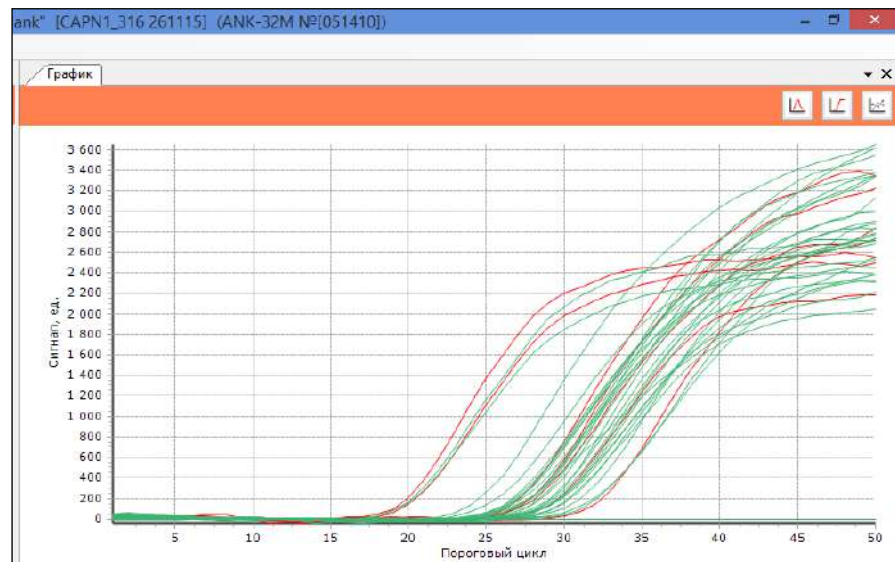


Рисунок 5 – Результаты генотипирования по гену кальпаина (*CAPN1*) на АНК-32 методом ПЦР-РТ

Вычисления производили по формулам, представленным в методике по биохимическому полиморфизму Л.В. Ольховской с соавт. (2007).

Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле:

$$P = n/N, \quad (1)$$

где  $P$  – частота генотипа;  $n$  – количество особей, имеющих определенный генотип;  $N$  – общее число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле:

$$\begin{aligned} q_A &= (2n_{AA} + n_{AB})/2N, \\ q_B &= (2n_{BB} + n_{AB})/2N, \end{aligned} \quad (2)$$

где  $q_A$  – частота аллеля А;  $q_B$  – частота аллеля В;  $N$  – общее число аллелей.

Число эффективно действующих аллелей (уровень полиморфности локуса,  $N_a$ , является величиной, обратной степени гомозиготности  $C_a$ ) рассчитывали по формуле:

$$N_a = 1/C_a, \quad (3)$$

где  $N_a$  – уровень полиморфности локуса;

$C_a$  – уровень гомозиготности в локусе.

Расчет соответствия фактического распределения фенотипов теоретически ожидаемому по закону Харди-Вайнберга (необходим для прослеживания, сохранено ли генное равновесие в данной группе животных по исследованным локусам полиморфных белков, или оно нарушено) проводился по формуле:

$$\begin{aligned} N_{ij} &= P_i^2 N && \text{– для гомозигот,} \\ N_{ij} &= P_i P_j 2N && \text{– для гетерозигот,} \end{aligned} \quad (4)$$

где  $N_{ii}$  и  $N_{jj}$  – теоретически ожидаемое число животных;

$P_i$  и  $P_j$  – частота аллелей;

$N$  – общее количество животных.

Для оценки значимости селективного различия между генотипами, обусловленного действием естественного отбора или селекции, необходимо проверить соответствие фактических частот генотипов теоретически ожидаемым, для чего рассчитываем критерий  $X^2$  (критерий соответствия К. Пирсона, 1990) по формуле:

$$X^2 = \sum (\Phi - T)^2 / T, \quad (5)$$

где  $\Phi$  – фактически наблюдаемое число животных для каждого фенотипа;

$T$  – теоретически ожидаемое число животных для каждого фенотипа.

Ожидаемый уровень гомозиготности ( $C_a$ ) вычисляли по формуле А. Robertson (1956):

$$C_a = \sum_{i=1}^n g^2, \quad (6)$$

где  $C_a$  – гомозиготность;

$n$  – число аллелей в локусе;

$g$  – частота аллелей.

Степень генетической изменчивости популяций ( $V$ ) определяли через коэффициент (A. Robertson, 1956):

$$V = 1 - Ca/1 - 1/N*100, \quad (7)$$

где  $N$  – количество тестируемых животных;

$Ca$  – коэффициент гомозиготности.

Наблюдаемую (фактическую) (observed) гетерозиготность ( $H_o$ ) определяли по формуле:

$$H_o = \frac{1}{n} \sum hi, \quad (8)$$

где  $n$  – количество животных,

$hi$  – количество гетерозигот.

Теоретически ожидаемую (exprected) гетерозиготность ( $H_e$ ), или генное разнообразие по M. Nei, рассчитывали по формуле:

$$H_e = 1 - \sum_i^n p_i^2, \quad (9)$$

где  $p_i$  – частота  $i$  аллеля;

$n_i$  – общее число аллелей во всех локусах.

**Методики химических и биохимических исследований.** Содержание жирных кислот (ЖК) в плазме крови определяли на базе ФГБОУ ВО Ставропольского государственного медицинского университета – кафедры биологии, методом газожидкостной хроматографии в виде метиловых эфиров на газовом хроматографе «Кристалл 200» с капиллярной колонкой HP-FFAP 50 m 0,32 mm 0,5  $\mu$ m (USA). Метиловые эфиры ЖК получали методом Моррисона и Смита. Идентификацию ЖК осуществляли с использованием стандартов фирмы Sigma и Fluka. Количественное определение ЖК проводилось с использованием программного обеспечения «Хроматэк Аналитик» (Людицина А.Ю., Кочан Т.И., Бойко Е.Р., 2006).

В качестве интегрального показателя, характеризующего направленность липидного обмена, использовали индекс насыщенности липидов (ИНЛ) – отношение суммы насыщенных жирных кислот к сумме ненасыщенных.



Исследование уровня общих липидов, холестерина и глюкозы в крови проводили согласно методикам, приведенным в справочнике «Методы ветеринарной клинической лабораторной диагностики» (Кондрахин И.П., 2004).

Биохимические исследования крови (общий белок, его фракции, глюкоза, кальций, фосфор, магний) проводили на автоматических биохимических анализаторах и согласно методикам, указанных в «Методах ветеринарной клинической лабораторной диагностики: справочник» (Кондрахин И.П., 2004) и Методических указаниях по применению унифицированных биохимических методов исследования крови, мочи в ветеринарных лабораториях (Самохин В.Т., 1981) в отделе ветеринарной медицины ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ».

**Методика изучения отдельных признаков продуктивности.** Молочность коров оценивалась по живой массе их потомства, которую определяли в возрасте 205 дней. Как правило, с целью более достоверного определения молочности мясных коров полученную массу потомков корректируют возрастом коровы при отеле. Так, для первотелок указанную массу увеличивают на 10%, в нашем случае, для коров второго отела и старше, – на 5%.

Наиболее верно отражающим интенсивность обмена веществ у коровы является оценочный показатель молочности (ОПМ), коэффициент молочности, определяемый по количеству удоя, приходящегося на 100 кг живой массы коровы-кормилицы (Макаев Ш.А. с соавт., 2015). Данный показатель рассчитывали по формуле:

$$\text{ОПМ} = \frac{Pp + P_{ст} * Tn}{Po + P_{ск} * Tn} \times 100 \text{ кг ж.м.к., кг}, \quad (10)$$

где ОПМ – оценочный показатель молочности, кг;

$Tn$  – возраст теленка в подсосный период содержания, сут.;

$Pp$  – живая масса теленка при рождении, кг;

$P_{ст}$  – среднесуточный прирост теленка за текущий период, кг;

$Po$  – живая масса коровы, кг;

$P_{ск}$  – среднесуточный прирост коровы за  $Tn$ , кг;

100 кг ж.м.к. – сто кг живой массы коровы.

Особенности экстерьера бычков и телочек (по 6 животных каждого генотипа в каждом гене) изучали с использованием мерной палки, ленты и циркуля по следующим промерам тела (Борисенко Е.Я., 1972):

- высота в холке (по высшей точке холки касательно заднего угла лопатки);
- высота в крестце (по наивысшей точке крестца);
- косая длина туловища (от переднего выступа плечелопаточного сочленения до крайней точки седалищного бугра);
- глубина груди (от холки до нижней поверхности грудной кости касательно заднего угла лопатки);
- ширина груди (за лопатками касательно заднего угла лопатки);
- обхват груди за лопатками;
- обхват пясти (в нижней части верхней трети пясти);
- ширина в маклоках (в крайних наружных (боковых) точках подвздошных костей).
- полуобхват зада (промер Грегори) по горизонтали от бокового выступа левого коленного сустава (чашечки) назад под хвост и до той же точки правого сустава.

Для более полной характеристики степени развития экспериментальных животных и их конституциональных особенностей на основе промеров тела рассчитывались индексы телосложения:

- $$1. \text{ Длинноногости} = \frac{\text{Высота в холке} - \text{глубина груди}}{\text{Высота в холке}} \times 100.$$
- $$2. \text{ Растяннутости} = \frac{\text{Косая длина туловища}}{\text{Высота в холке}} \times 100.$$
- $$3. \text{ Массивности} = \frac{\text{Обхват груди за лопатками}}{\text{Высота в холке}} \times 100.$$
- $$4. \text{ Костистости} = \frac{\text{Обхват пясти}}{\text{Высота в холке}} \times 100.$$
- $$5. \text{ Сбитости} = \frac{\text{Обхват груди за лопатками}}{\text{Косая длина туловища}} \times 100.$$
- $$6. \text{ Грудной} = \frac{\text{Ширина груди}}{\text{Глубина груди}} \times 100.$$

Динамика живой массы изучалась у всех тестируемых бычков при рождении и отъеме ( $n = 93$ ), а в 12-месячном возрасте – у 6 животных каждого генотипа в каждом гене ( $n = 36$ ), у телочек – при рождении, отъеме, в 15 и 18 месяцев у всех тестируемых животных в соответствии с определенными генотипами ( $n = 64$ ). Живая масса определялась путем индивидуального взвешивания на электронных весах с точностью до 0,1 кг. По разнице значений и периода учета определяли среднесуточный прирост.

С целью изучения мясной продуктивности и химического состава мяса проводили убой трех животных каждого генотипа по методикам ВИЖ, ВНИИМП (1977, 1984).

Во время контрольного убоя трех животных 12-месячного возраста у каждого генотипа отбирали образцы длиннейшей мышцы спины (*m. longissimus dorsi*) для проведения химического анализа и гистологических исследований.

Количество влаги определяли согласно ГОСТ 9793-2016 «Мясо и мясные продукты. Методы определения влаги». Пробу мяса измельчали на гомогенизаторе, тщательно перемешивали, высушивали в сушильном шкафу при температуре  $103 \pm 2$  °С до постоянной воздушно-сухой массы. По разнице навески до и после высушивания определяли массовую долю влаги, выраженную в процентах.

Количество жира определяли согласно ГОСТ 23042-2015 «Мясо и мясные продукты. Методы определения жира», путем экстракции петролейным эфиром из измельченной и высушенной пробы в аппарате Сокслета с последующим удалением растворителя и высушиванием жира до постоянной массы.

Количество белка определяли согласно ГОСТ 25011-2017 «Мясо и мясные продукты. Методы определения белка» методом Кьельдаля, по количеству образовавшегося при минерализации органических веществ в измельченной и высушенной пробе азота и пересчетом его на белок, применяя коэффициент 6,25.

Калорийность определяли расчетным путем по формуле В.М. Александра:

$$K = [C - (Ж + З)] \times 4,1 + (Ж \times 9,3), \quad (11)$$

где К – калорийность, ккал;

С – количество сухого вещества;

З – количество золы;

Ж – количество жира.

Для гистологических исследований образцы фиксировали в 10% растворе нейтрального формалина, после чего уплотняли с помощью заливки в желатин. Срезы толщиной 7–8 мкм получали на замораживающем микротоме. Структурные компоненты мышечной ткани выявляли с помощью методов окраски гематоксилином Караччи с суданом III по Эрлиху. Определяли площадь мышечного пучка, количество мышечных волокон в пучке, диаметр мышечного волокна и пучка, соотношение мышечной и соединительной ткани согласно ГОСТ 19496-2013 «Мясо и мясные продукты. Метод гистологического исследования».

Полученный материал обрабатывали биометрически, используя статистические методы, программу Microsoft Excel. Достоверность различий сравниваемых показателей по группам оценивали по критерию Стьюдента со следующим уровнем значимости: \* –  $P < 0,05$ ; \*\* –  $P < 0,01$ ; \*\*\* –  $P < 0,001$ .

Экономическую эффективность при выращивании молодняка различных генотипов устанавливали на основе учета всех затрат и по разнице в стоимости реализованной продукции.

Общая схема исследований представлена на рисунке 6.

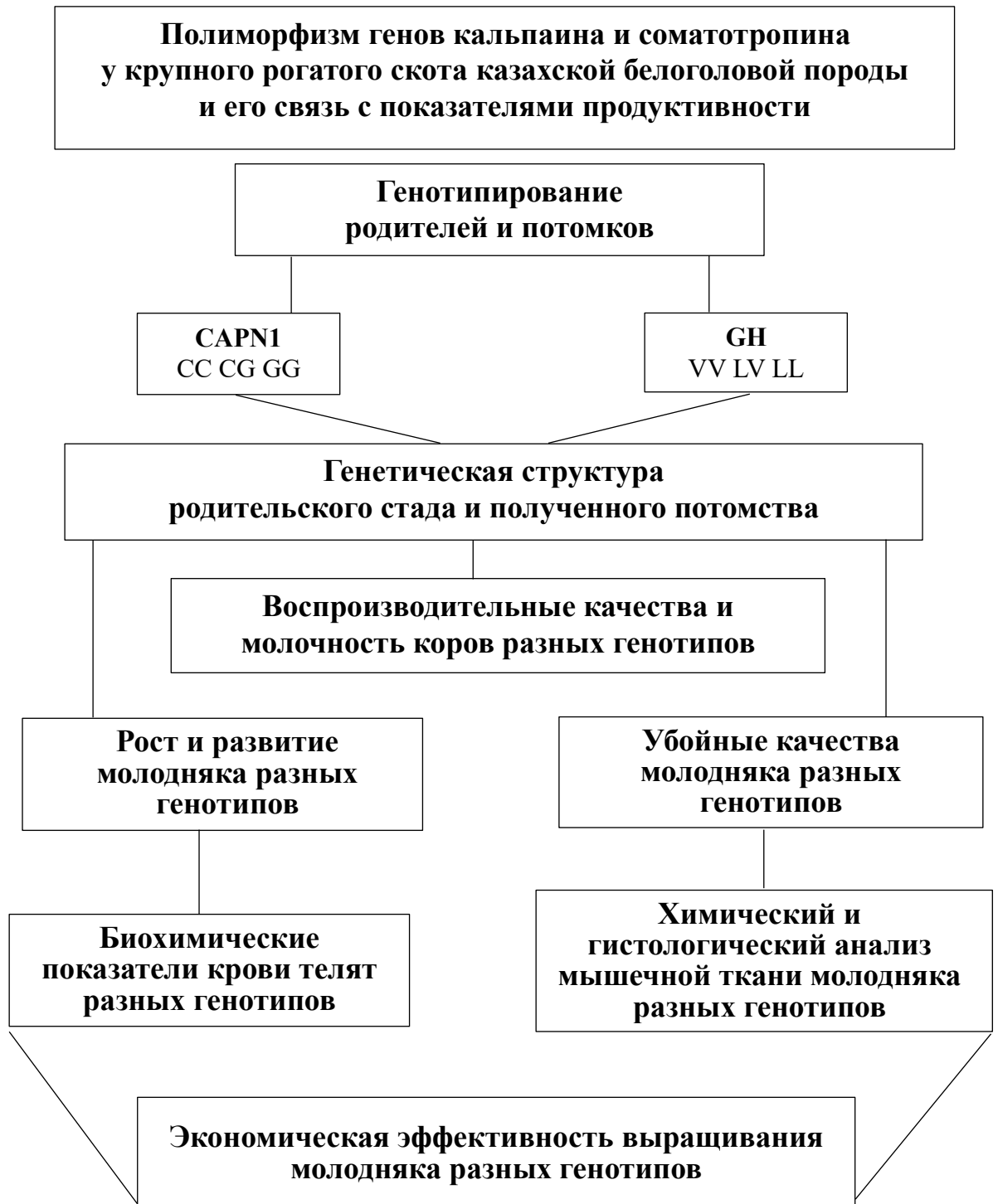


Рисунок 6 – Общая схема исследований

### 3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

#### 3.1. Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы разных половозрастных групп

Генотипирование по генам кальпаина (*CAPN1*) и соматотропина (*GH*) проводилось на разных половозрастных группах крупного рогатого скота казахской белоголовой породы СПК колхоза-племзавода «Гигант» Благодарненского района Ставропольского края. Выборка была представлена быками-производителями ( $n = 35$ ), коровами в возрасте 3,5 года и старше ( $n = 160$ ), телочками ( $n = 64$ ) и бычками ( $n = 93$ ). Результаты генотипирования представлены в Приложениях 1, 2, 3 и 4. При этом работа проводилась на потомстве, достоверность происхождения которого была подтверждена иммуногенетической экспертизой, что позволило определить опытные группы бычков и телочек казахской белоголовой породы для дальнейших исследований их количественно-качественных характеристик продуктивности и обеспечило достоверность результатов при оценке влияния родителей на эти показатели.

##### 3.1.1. Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* у быков-производителей казахской белоголовой породы

Сравнительный анализ результатов генотипирования животных родительского стада и их потомков свидетельствует об особенностях полиморфизма аллельного профиля генов *CAPN1* и *GH*, контролирующих мясную продуктивность в разных половозрастных группах, выразившегося в значительной вариабельности частоты встречаемости как аллелей, так и генотипов.

Так, у быков-производителей частота встречаемости аллелей *C* и *G* гена *CAPN1* составила 0,11 и 0,89, генотипов *CC*, *CG*, *GG* – соответственно 0,03; 0,17; 0,80; аллелей *V* и *L* гена *GH* – 0,19 и 0,81, генотипов *VV*, *LL*, *LV* – 0,03; 0,31; 0,66 соответственно.

Согласно полученным данным, большее количество эффективных аллелей было в гене *GH* – 0,279 относительно 0,166 в гене *CAPN1*, с превосходством на 11,3% (таблица 1).

Таблица 1 – Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* быков-производителей, n=35

Показатель	CAPN1			GH		
	генотип/аллель			генотип/аллель		
	CC/C (n=1)	CG (n=6)	GG/G (n=28)	VV/V (n=1)	LV (n=11)	LL/L (n=23)
Частота аллелей	0,11	0,00	0,89	0,19	0,00	0,81
Частота генотипов	0,03	0,17	0,80	0,03	0,31	0,66
Частота генотипов, %	3,00	17,0	80,0	3,00	31,0	66,0
Число эффективно действующих аллелей, %	16,6			28,0		

Степень гомозиготности в генах *CAPN1* и *GH* быков-производителей представлена в таблице 2.

Таблица 2 – Уровень гомозиготности по генам *CAPN1* и *GH* у быков-производителей, n = 35

Ген	Генотип	Количество животных	%
CAPN1	CC	1	1,21
	GG	28	79,21
GH	VV	1	3,61
	LL	23	65,61

Количество гомозиготных генотипов *CC* и *GG* гена *CAPN1* составило 80,42%, при этом удельный вес носителей желательного *CC*-генотипа был небольшим и составил всего 1,21%. В гене *GH* встречаемость гомозиготных генотипов *VV* и *LL* составила 69,22%, однако желательный генотип *VV* выявлялся лишь в 3,61% случаев.

Уровень различий между фактически наблюдаемой величиной распределения гетерозигот к теоретически ожидаемой нашел отражение в величине теста гетерозиготности (таблица 3).

Таблица 3 – Уровень гетерозиготности по генам *CAPN1* и *GH* у быков-производителей, n = 35

Фактическое количество гетерозигот	Наблюдаемая гетерозиготность, $H_o$	Теоретически ожидаемое количество гетерозигот	Теоретически ожидаемая гетерозиготность, $H_e$	Тест гетерозиготности, $H_o - H_e$
<b>CAPN1</b>				
6	0,207	6,85	0,243	-0,036 $H_o < H_e$
<b>GH</b>				
11	0,458	10,77	0,444	+0,014 $H_o > H_e$

Выявлено отрицательное значение теста гетерозиготности в гене *CAPN1* (-0,036), что свидетельствует о недостатке относительной гетерозиготности, полученной по фактическим данным, по сравнению с относительной гетерозиготностью, вычисленной по теоретически ожидаемому критерию  $\chi^2$  согласно закону Харди-Вайнберга.

### 3.1.2. Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* у материнского стада коров казахской белоголовой породы

У маточного поголовья родительского стада распределение аллелей и генотипов выглядело следующим образом: частота встречаемости аллелей *C* и *G* гена *CAPN1* составила 0,14 и 0,86, генотипов *CC*, *CG*, *GG*, соответственно – 0,04; 0,19; 0,77; аллелей *V* и *L* гена *GH* – 0,30 и 0,70, генотипов *VV*, *LV*, *LL* – 0,16; 0,28; 0,56 соответственно. Уровень полиморфности в гене *CAPN1* составил 23,5%, в гене *GH* – 41,4%. Установлено большее количество эффективно действующих аллелей в локусе *GH* – 0,414, относительно 0,235 в локусе *CAPN1*, с превосходством на 17,9 % (таблица 4).

Таблица 4 – Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* коров, n = 160

Показатель	CAPN1			GH		
	генотип/аллель			генотип/аллель		
	CC/C (n=7)	CG (n=30)	GG/G (n=123)	VV/V (n=25)	LV (n=45)	LL/L (n=90)
Частота аллелей	0,14		0,86	0,30		0,70
Частота генотипов	0,04	0,19	0,77	0,16	0,28	0,56
Частота генотипов, %	4,00	19,0	77,0	16,0	28,0	56,0
Число эффективно действующих аллелей, %	23,5			41,4		



Уровень различий величины гомо- и гетерозигот представлен в таблицах 5 и 6.

Таблица 5 – Уровень гомозиготности коров по генам *CAPN1* и *GH*, n = 160

Ген	Генотип	Кол-во животных	%
CAPN1	CC	7	1,96
	GG	123	73,96
GH	VV	25	9,0
	LL	90	49,0

Общее количество гомозигот генотипов *CC* и *GG* гена *CAPN1* составило 75,92%, однако присутствие желательного генотипа *CC* было невысоким и составило всего 1,96%. В гене *GH* гомозиготные генотипы *VV* и *LL* встречались у 58,0% животных, при этом желательный генотип *VV* – в 9,0% случаев. Превосходство в частоте встречаемости желательного генотипа *VV* в гене *GH* в сравнении с генотипом *CC* в гене *CAPN1* было значительным и составило 7,04 %.

Анализ значений теста гетерозиготности показал, что среди изучаемого маточного поголовья казахской белоголовой породы в гене *CAPN1* наблюдался незначительный недостаток гетерозиготных генотипов – минус 0,086, тогда как в гене *GH* он был более значительным и составил минус 0,333 (таблица 6).

Таблица 6 – Уровень гетерозиготности коров по генам *CAPN1* и *GH*, n=160

Фактическое количество гетерозигот, гол.	Наблюдаемая гетерозиготность, Но	Теоретически ожидаемое количество гетерозигот, гол.	Теоретически ожидаемая гетерозиготность, Не	Тест гетерозиготности Но-Не
<b>CAPN1</b>				
30	0,231	38,53	0,317	-0,086 Но<Не
<b>GH</b>				
45	0,391	67,2	0,724	-0,333 Но<Не

Это обусловлено, как отмечалось выше, низкой встречаемостью аллеля *C*, как в гомозиготном, так и в гетерозиготном состоянии.

### 3.1.3. Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* у ремонтных телочек

У телочек ремонтного стада частота встречаемости аллелей *C* и *G* гена *CAPN1* составила 0,17 и 0,83, аллелей *V* и *L* гена *GH* – 0,25 и 0,75, соответственно генотипов *CC*, *CG* и *GG* – 0,06; 0,22 и 0,72; *VV*, *VL* и *LL* – 0,11; 0,28 и 0,61. Сопоставление числа эффективно действующих аллелей показало, что в гене *GH* оно было на 9,3 % больше, чем в гене *CAPN1* (таблица 7).

Таблица 7 – Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* ремонтных телочек, n = 64

Показатель	CAPN1			GH		
	генотип/аллель			генотип/аллель		
	CC/C (n=4)	CG (n=14)	GG/G (n=46)	VV/V (n=7)	LV (n=18)	LL/L (n=39)
Частота аллеля	0,17		0,83	0,25		0,75
Частота генотипов	0,06	0,22	0,72	0,11	0,28	0,61
Частота генотипов, %	6,00	22,0	72,0	11,0	28,0	61,0
Число эффективно действующих аллелей, %	26,6			35,9		

Гомозиготные генотипы *CC* и *GG* гена *CAPN1* выявлялись у 71,78% животных, в то же время носительство желательного генотипа *CC* было невысоким и составило 2,89%. Удельный вес желательного генотипа *VV* в гене *GH* был несколько выше и составил 6,25%, или на 3,36 % больше, чем частота встречаемости желательного генотипа *CC* в гене *CAPN1* (таблица 8).

Таблица 8 – Уровень гомозиготности ремонтных телочек по генам *CAPN1* и *GH*, n = 64

Ген	Генотип	Кол-во животных	%
CAPN1	CC	4	2,89
	GG	46	68,89
GH	VV	7	6,25
	LL	39	56,25

Среди телочек ремонтного стада, так же как и среди маточного поголовья, выявлен недостаток гетерозигот в генах *CAPN1* и *GH*, о чем свидетельствуют отрицательные значения теста гетерозиготности, рассчитанные на сопоставле-

нии теоретически ожидаемой к фактической наблюдаемой встречаемости носителей гетерозиготных генотипов (таблица 9).

Таблица 9 – Уровень гетерозиготности ремонтных телочек по генам *CAPN1* и *GH*, n = 64

Фактическое количество гетерозигот, гол.	Наблюдаемая гетерозиготность, Но	Теоретически ожидаемое количество гетерозигот, гол.	Теоретически ожидаемая гетерозиготность, He	Тест гетерозиготности Но<He
<b>CAPN1</b>				
14	0,280	18,6	0,393	-0,113 Но<He
<b>GH</b>				
18	0,391	24,0	0,600	-0,209 Но<He

### 3.1.4. Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* у ремонтных бычков

У бычков ремонтного стада частота встречаемости аллелей *C* и *G* гена *CAPN1* составила 0,13 и 0,87, генотипов *CC*, *GG*, *CG* соответственно – 0,06; 0,81; 0,13; аллелей *V* и *L* гена *GH* – 0,40 и 0,60, генотипов *VV*, *LL*, *LV* – 0,31; 0,51; 0,18 соответственно (таблица 10).

Таблица 10 – Полиморфизм генов *CAPN1* и *GH* ремонтных бычков, n = 93

Показатель	CAPN1			GH		
	генотип/аллель			генотип/аллель		
	CC/C (n=6)	CG (n=12)	GG/G (n=75)	VV/V (n=29)	LV (n=17)	LL/L (n=47)
Частота аллелей	0,13		0,87	0,40		0,60
Частота генотипов	0,06	0,13	0,81	0,31	0,18	0,51
Частота генотипов, %	6,00	13,0	81,0	31,2	18,3	50,5
Число эффективно действующих аллелей, %	21,5			46,9		

Значение полиморфности, выраженное в показателе числа эффективно действующих аллелей, было относительно низким в гене *CAPN1* и на среднем уровне – в гене *GH*. Разницами между генами по данному показателю составила 25,4%.

Степень гомозиготности в локусах генов *CAPN1* и *GH* бычков представлена в таблице 11.

Таблица 11 – Уровень гомозиготности бычков по генам *CAPN1* и *GH*, n = 93

Ген	Генотип	Количество животных	%
CAPN1	CC	6	1,69
	GG	75	75,69
GH	VV	29	16,0
	LL	47	36,0

Удельный вес гомозигот генотипов *CC* и *GG* гена *CAPN1* в сумме составил 77,4 %, генотипов *VV* и *LL* гена *GH* – 52,0 %. Количество бычков с желательным *VV*-генотипом в локусе *GH* составило 16,0%, тогда как с предпочтительным генотипом *CC* гена *CAPN1* – всего 1,69 %, или почти в 10 раз меньше.

Сравнение фактического распределения генотипов с теоретически ожидаемым в исследуемых генах среди ремонтных бычков казахской белоголовой породы представлено в таблице 12.

Таблица 12 – Уровень гетерозиготности по генам *CAPN1* и *GH*, n = 93

Фактическое количество гетерозигот, гол.	Наблюдаемая гетерозиготность, Но	Теоретически ожидаемое количество гетерозигот, гол.	Теоретически ожидаемая гетерозиготность, Не	Тест гетерозиготности Но-Не
<i>CAPN1</i>				
12	0,148	21,04	0,292	-0,144 Ф<Т
<i>GH</i>				
17	0,224	10,71	0,221	+0,003 Ф>Т

Выявлено, что в гене *CAPN1* наблюдался незначительный недостаток носителей гетерозиготных генотипов, тогда как в гене *GH* отмечено практически совпадение фактически наблюдаемого распределения гетерозигот к теоретически ожидаемому, при очень незначительном их избытке.

Основываясь на результатах индивидуального исследования, было неинтересным выявить число носителей в разных половозрастных группах, у

которых желательные аллели в гомо- и гетерозиготном состоянии присутствовали в обоих генах.

Установлено, что наибольшее число носителей желательных гомозиготных генотипов в обоих генах было среди маточного поголовья и составило 1,87%. Далее следовали телочки, где таких животных было определено 1,56%, тогда как среди бычков их было всего 1,07%, а среди быков-производителей таковых вообще не обнаружено. В то же время среди последних в сравнении с другими группами было генотипировано наибольшее количество животных, у которых желательные аллели были представлены в гетерозиготном состоянии.

Большее число носителей, у которых один ген был представлен желательным аллелем в гомозиготном состоянии, а второй – в гетерозиготном, было выявлено среди ремонтных телочек и составило 7,81%, тогда как среди групп коров и ремонтных бычков таких животных было соответственно 5,0 и 4,3%. Среди быков-производителей носителей такого комплексного генотипа не установлено (таблица 13).

Таблица 13 – Частота встречаемости комплексных генотипов с желательными аллелями в гомо- и гетерозиготном состоянии по генам *CAPN1* и *GH* в разных половозрастных группах стада казахской белоголовой породы, %

Половозрастная группа	Комплексный генотип		
	<i>CAPN1CCGHVV</i>	<i>CAPN1CCGHVL</i> / <i>GHVVCAPN1CG</i>	<i>CAPN1CGGHVL</i>
Быки-производители	–	–	11,43
Коровы	1,87	5,00	7,50
Ремонтные бычки	1,07	4,30	4,30
Ремонтные телочки	1,56	7,81	6,25

Таким образом, генотипирование разных половозрастных групп стада казахской белоголовой породы ПЗ «Гигант» Благодарненского района Ставропольского края позволило выявить полиморфизм в генах *CAPN1* и *GH*, представленный двумя аллелями. Общей для всего стада была достоверно меньшая

частота встречаемости аллелей *C* и *V* соответственно в генах *CAPN1* и *GH*, которые во многих исследованиях показаны как желательные для селекции, в сравнении с распространением аллелей *G* и *L*.

Низкая частота встречаемости предпочтительных аллелей в гомозиготном состоянии, и особенно совместно в двух генах, обосновывает целесообразность генотипирования животных казахской белоголовой породы для целенаправленного подбора родительских пар и увеличения носителей *C*- и *V*-аллелей в целом по стаду.

### **3.2. Воспроизводительные качества и молочность коров казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH***

Повышение эффективности производства говядины возможно не только при генетическом совершенствовании скота, но и при создании условий максимальной реализации продуктивного и репродуктивного потенциала животных.

Были изучены воспроизводительные качества коров казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*. Исследования проводились на основании зоотехнической документации – использовались базы данных информационной программы «Селекс» по оценке мясного скота, и систематического наблюдения за животными.

Возраст исследуемого поголовья коров при осеменении составлял в основном от 3 до 5 лет, отдельные особи были старше – до 7 лет. Живая масса коров в период случной кампании варьировалась в интервале от 482,9 до 552,3 кг.

Из 160 голов исследуемого поголовья коров отелилось 159 голов – 99,3%, было получено 160 телят, отход по производственным причинам составил 3 головы (1,9%). Таким образом, от матерей было получено живого приплода 93 головы бычков и 64 – телочек.

Воспроизводительные особенности коров казахской белоголовой породы представлены в таблице 14.

Таблица 14 – Воспроизводительные качества коров разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, n = 160

Показатели	Ген/генотип					
	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Количество коров разных генотипов в случной кампании	7	30	123	25	45	90
Отелилось, гол. %	7	30	122	24	45	90
	100	100	99,2	96,0	100	100
Выращено телят до отъема (8 мес.), гол.	7	29	121	24	44	89
Сохранность телят до отъема, %	100	96,7	99,2	100	97,7	98,9

Молочность коров мясных пород оценивалась по живой массе их потомства, которую определяли в возрасте 205 дней.

Установлена положительная связь между молочностью и живой массой коров казахского белоголового скота, но до определенного предела – 500–550 кг, дальнейшее увеличение живой массы коров ведет к снижению их молочности и экономически нецелесообразно (Макаев Ш.А., 2019).

Как правило, с целью более достоверного определения молочности мясных коров полученную массу потомков корректируют возрастом коровы при отеле. Так, для первотелок указанную массу увеличивают на 10%, для коров второго отела – на 5%. В случае многоплодного отела молочность оценивают по суммарной массе полученного приплода.

Таким образом, определение молочности мясных пород скота обеспечивает упрощенную оценку технологических качеств коров и надежный отбор коров-матерей с оптимальной молочностью, способствующей увеличению живой массы отъемных телят.

Сопоставление показателей молочности коров казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH* выявило преимущество матерей-носителей желательных аллелей – соответственно *C* и *V*.

Так, потомки матерей с генотипами *CC* и *CG* в гене *CAPN1* в 205 дней весили в среднем 199,9 кг, тогда как потомки от коров с генотипом *GG* – 189,4 кг, или на 5,4% меньше. При этом достоверная разница по молочности выявлена

между матерями, у которых желательный аллель присутствовал в гомозиготном состоянии, и матерями, у которых он отсутствовал. Разница между *CC*- и *GG*-генотипами составила 12,7 кг, или 6,8% ( $P < 0,05$ ), и носила достоверный характер. Отмеченная тенденция сохранилась и к моменту отъема: превосходство было на 15,6 кг, или 7,4% ( $P < 0,05$ ).

Аналогичные закономерности выявлены и при сопоставлении молочности коров – носителей желательной аллели в разном состоянии в гене *GH*. Потомки коров *VV*- и *LV*-генотипов имели в 205 дней среднюю живую массу 199,1 кг, тогда как потомки коров *LL*-генотипа – 191,0 кг, или на 4,1% меньше. При этом между потомками матерей *VV*- и *LL*-генотипов отмечена достоверная разница, которая составила 10,3 кг, или 5,4% ( $P < 0,05$ ) (таблица 15).

Таблица 15 – Молочность коров казахской белоголовой породы разных генотипов,  $n = 157$

Генотип	Живая масса матерей, кг	Средняя живая масса потомства, кг				ОПМ, л/100 кг живой массы
		при рождении	205 дней	при отъеме (240 дн.)	среднесут. прирост, г	
<b>CAPN1</b>						
CC	522,6±2,60*	28,1±0,21	202,1±3,5*	226,0±4,6	824,6±1,92*	19,1±0,45
CG	519,7±1,09	27,9±0,18	197,7±5,4	217,0±6,5	787,6±0,72	20,1±0,46
GG	516,4±1,19	27,6±0,16	189,4±5,2	210,4±5,2	761,8±0,85	21,1±0,51*
<b>GH</b>						
VV	521,5±2,77*	28,3±0,11	201,3±6,5*	228,0±7,5*	832,1±1,65*	19,2±0,24
LV	519,2±2,12	27,9±0,18	196,9±5,3	216,2±4,5	784,6±0,92	19,9±0,15
LL	518,1±1,97	27,6±0,12	191,0±4,5	209,2±6,1	756,7±0,71	20,3±0,39*

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении *CAPN1* – *CC*-*GG*; *GH* – *VV*-*LL*.

Матери желательных генотипов *CC* и *VV* генов *CAPN1* и *GH* уступали матерям нежелательных генотипов – *GG* и *LL* по оценочному показателю молочности (ОПМ) на 100 кг живой массы коровы. Разница в генах *CAPN* и *GH* в среднем составила 7,9% ( $P < 0,05$ ). Это объясняется тем, что, хотя коровы желательных генотипов и их потомки имели несколько большую живую массу, но в пересчете на живую массу ОПМ у коров желательных генотипов *CC* и *VV* был несколько меньшим, чем у коров *GG*- и *LL*-генотипов. Это согласуется с данными, полученными в других исследованиях, где установлено, что более крупные по массе коровы за подсосный период в большинстве случаев обладают меньшей



молочной продуктивностью на 100 кг собственной живой массы (Насамбаев Е.Г., Губашев Н.М., 2007).

### **3.3. Рост и развитие молодняка разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH***

#### **3.3.1. Динамика живой массы**

Наиболее наглядным признаком, характеризующим здоровье, метаболическую реактивность организма и соответственно продуктивные показатели, является его живая масса. Несмотря на то, что масса тела является лабильным показателем, это генетически закрепленный признак, индивидуальный для каждой породы.

Величина живой массы теленка при рождении отражает степень его развития в эмбриональном периоде и сказывается на последующих этапах роста и развития животных. Неравнозначность в проявлении энергии роста животных в раннем периоде онтогенеза сказывается на последующих хозяйственно полезных признаках.

Анализ полученных данных выявил в целом по полученному молодняку однотипный характер физиологического изменения живой массы, сводившийся к общебиологической закономерности – значительному увеличению от рождения до 12-месячного возраста (таблицы 16 и 17).

Выявленный полиморфизм позволил разделить бычков и ремонтных телочек в соответствии с установленными генотипами в генах *CAPN1* и *GH* и изучить динамику их живой массы в разные возрастные периоды онтогенеза.

Установлено, что в 8- и 12-месячном возрасте преимущество по живой массе было за носителями аллелей *C-CAPN1* и *V-GH*. При этом достоверные различия установлены между животными, у которых указанные аллели были в гомозиготном состоянии, и животными, в генотипе которых они отсутствовали (таблицы 16 и 17).

Так, бычки *CC-CAPN1* превосходили своих сверстников *GG-CAPN1* в указанные периоды соответственно на 29,7 кг, или 13,8% ( $P < 0,01$ ), и на 24,3 кг, или 6,9% ( $P < 0,05$ ), телочки – на 16,2 кг, или 8,3% ( $P < 0,05$ ), и 22,8 кг, или 7,9% ( $P < 0,05$ ).

Таблица 16 – Динамика живой массы бычков разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*

Показатели	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Бычки						
Живая масса, кг: при рождении	28,1 ±0,21*	27,9 ±0,18	27,6 ±0,16	28,3 ±0,11*	27,9 ±0,18	27,6 ±0,12
в 8 месяцев	245,5 ±4,6**	240,6 ±6,5	215,8 ±5,2	248,9 ±7,5**	238,5 ±4,5*	214,4 ±6,1
в 12 месяцев <sup>1</sup>	374,2 ±5,1*	368,9 ±3,6	349,9 ±4,1	382,7 ±4,7**	373,8 ±4,2	357,9 ±5,2
Среднесуточный прирост <sup>1</sup> , г	948,4 ±92,4*	934,2 ±72,6	883,2 ±85,4	969,5 ±65,4*	948,1 ±92,7	905,4 ±71,3

Примечания: <sup>1</sup> – количество бычков при рождении и в 8 месяцев – 93; в 12 месяцев – 36;

\*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении CAPN1 – CC-GG; GH – VV-LL.

Разница в пользу носителей желательных гомозиготных генотипов в гене *GH* по сравнению с генотипами, в которых такие аллели не выявлены (*VV-GH* – *LL-GH*), в 8 и 12 месяцев у бычков составила соответственно 34,5 кг, или 14,6% ( $P < 0,01$ ), 24,8 кг, или 6,9% ( $P < 0,01$ ), у телочек – 10,2 кг, или 5,2% ( $P < 0,05$ ), 18,1 кг, или 6,3% ( $P < 0,05$ ), соответственно (таблица 17).

Таблица 17 – Динамика живой массы телочек разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, n = 64

Показатели	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Ремонтные телочки						
Живая масса при рождении, кг	27,9 ±0,57	26,1 ±0,37	25,6 ±0,65	26,9 ±0,68	27,1 ±0,43	27,6 ±0,34
в 8 месяцев	209,9* ±2,6	200,8 ±1,7	193,7 ±1,4	206,7* ±2,7	201,2 ±1,9	196,5 ±1,8
в 12 месяцев	308,5* ±4,8	299,9 ±4,2	285,7 ±3,8	305,7* ±6,4	300,8 ±3,4	287,6 ±3,2
в 18 месяцев	357,5** ±4,8	339,9,7 ±4,2	335,7 ±3,8	356,7* ±6,4	341,8 ±3,4	344,9 ±3,2
Среднесуточный прирост, г	610,3* ±51,7	581,1 ±42,2	574,2 ±38,1	610,7* ±42,4	582,8 ±38,3	587,9 ±41,1

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении CAPN1 – CC-GG; GH – VV-LL.

У телочек выявленная в возрасте 12 месяцев тенденция прослеживалась и по достижении ими половозрелого возраста – 18 месяцев. Превосходство телочек желательных генотипов *CC-CAPN1* и *VV-GH* над нежелательными – *GG-*

*CAPN1* и *LL-GH*-генотипами в этот период составило соответственно 21,8 кг, или 6,5% ( $P < 0,01$ ); 11,8 кг, или 3,4% ( $P < 0,05$ ).

Среднесуточный прирост у бычков за весь период опыта, 365 дней, составил в среднем 931,5 г, у телочек за 540 дней – 591,2 г, что свидетельствует о высокой энергии роста опытного молодняка и его соответствия требованиям классов элита и первому.

Таким образом, присутствие желательных аллелей в генах *CAPN1* и *GH* способствовало большей энергии роста бычков и телочек в изученные периоды онтогенеза, что выразилось в их преимуществе по живой массе над животными, в генотипе которых такие аллели отсутствовали.

### 3.3.2. Линейный рост (промеры и индексы телосложения)

При селекции мясного скота, наряду с оценкой по живой массе, большое значение придается внешним формам животного, его экстерьеру, выраженности мясных форм. В связи с этим одной из задач собственных исследований было изучение промеров тела и индексов телосложения, которые в большей степени характеризуют мясную продуктивность – сбитость, костистость, растянутость и массивность, у животных разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*.

Для характеристики роста и особенностей телосложения опытных животных молодняка бычков и телочек, для вычисления индексов телосложения брали следующие промеры: высота в крестце, высота в холке, косая длина туловища, ширина груди за лопатками, глубина груди, обхват груди за лопатками, обхват пясти, ширина зада в маклоках.

Анализом полученных данных не выявлено достоверных различий в промерах тела, как среди бычков, так и среди телочек разных генотипов – *CC*, *CG*, *GG* – *CAPN1* и *VV*, *LV*, *LL* – *GH*.

Однако отмечалась тенденция того, что носители желательных генотипов *CC* и *VV* в генах *CAPN1* и *GH* по отношению к животным нежелательных генотипов – *GG* и *LL* были более высокорослыми и растянутыми, о чем свидетель-

ствуют несколько большие величины высоты в холке и косой длины туловища. Так, у бычков *CC* и *VV* в сравнении с *GG*- и *LL*-генотипами генов *CAPN1* и *GH* эти показатели были в среднем выше на 0,7 и 0,8 см, или 1,0 и 1,1 %, у телочек соответственно – на 0,9 см и 1,75 см, или 1,1% и 1,4% (таблица 18).

Таблица 18 – Промеры телосложения бычков и телочек казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, n = 36

Ген / генотип		Линейные показатели роста животных, см								
		Высота в холке	Высота в крестце	Косая длина туловища	Ширина груди	Глубина груди	Обхват груди за лопатками	Обхват пясти	Полуобхват зада	Ширина крестца в маклоках
<b>Бычки</b>										
<i>CAPN1</i>	<i>CC</i>	107,6 ±0,7	108,9 ±0,9	121,3 ±0,8	37,1 ±0,7	55,0 ±0,4	149,3 ±1,7	18,1 ±0,1	86,5 ±1,2	38,9 ±0,3
	<i>CG</i>	109,1 ±0,9	112,3 ±0,8	118,8 ±0,9	36,7 ±0,5	54,3 ±0,7	147,8 ±1,3	19,8 ±0,1	86,8 ±1,3	37,4 ±0,3
	<i>GG</i>	106,8 ±1,0	110,3 ±0,9	120,5 ±1,2	35,4 ±0,7	52,7 ±0,6	144,5 ±1,5	17,9 ±0,1	84,3 ±1,0	35,7 ±0,5
<i>GH</i>	<i>VV</i>	107,0 ±0,9	109,5 ±0,5	118,1 ±1,3	40,4 ±0,9	53,5 ±0,9	149,1 ±2,2	20,1 ±0,1	86,8 ±1,2	39,5 ±0,4
	<i>LV</i>	107,8 ±0,8	108,5 ±0,6	117,4 ±0,9	39,3 ±0,6	51,9 ±0,7	149,1 ±2,3	19,8 ±0,1	85,2 ±1,4	36,2 ±0,5
	<i>LL</i>	106,5 ±0,6	108,1 ±0,7	116,3 ±1,1	38,1 ±0,5	51,0 ±0,6	147,5 ±2,5	20,9 ±0,1	85,3 ±1,4	34,9 ±0,6
<b>Телочки</b>										
<i>CAPN1</i>	<i>CC</i>	106,5 ±0,5	108,9 ±0,7	118,5 ±0,7	37,6 ±0,6	52,5 ±0,3	136,6 ±1,2	18,1 ±0,1	77,6 ±1,4	38,8 ±0,4
	<i>CG</i>	106,1 ±0,8	108,1 ±0,5	118,6 ±0,8	35,9 ±0,5	52,4 ±0,6	135,1 ±1,1	18,0 ±0,1	73,2 ±1,4	36,6 ±0,5
	<i>GG</i>	105,8 ±0,9	101,5 ±0,6	116,0 ±1,1	36,9 ±0,9	51,1 ±0,6	135,0 ±1,5	18,0 ±0,1	72,2 ±1,4	36,1 ±0,5
<i>GH</i>	<i>VV</i>	106,6 ±0,7	108,7 ±1,0	118,8 ±0,9	39,3 ±0,7	53,5 ±0,6	137,1 ±2,1	18,1 ±0,1	78,6 ±1,3	39,8 ±0,4
	<i>LV</i>	106,5 ±0,9	109,4 ±0,9	118,1 ±0,9	38,9 ±0,5	53,4 ±0,4	135,4 ±1,7	18,2 ±0,1	75,8 ±1,3	37,9 ±0,5
	<i>LL</i>	105,5 ±1,1	108,8 ±0,8	117,9 ±1,3	36,9 ±0,5	52,1 ±0,7	135,2 ±1,6	18,0 ±0,1	73,6 ±1,4	36,8 ±0,3

Животные желательных генотипов *CC* и *VV* отличались большими величинами показателей глубины и ширины груди и, следовательно, обхватом груди за лопатками. У бычков эта разница соответственно по генотипам составила

2,3; 1,7 и 4,8 см (4,3; 4,8 и 3,3 %) и 2,5; 2,3 и 1,6 см (4,9; 6,0 и 1,1 %); у телочек – 1,4; 0,7 и 1,6 см (2,7; 1,8 и 1,2 %) и 1,4; 2,4 и 1,9 см (2,6; 6,5 и 1,4 %).

Полуобхват зада и ширина крестца в маклоках были соответственно больше у животных *CC*- и *VV*-, чем у сверстников *GG*- и *LL*-генотипов: у бычков – на 2,2; 1,5 см (2,6 и 1,7 %) и 3,2; 4,6 см (8,9 и 13,2 %); у телочек – на 5,4; 5,0 см (7,4 и 6,7 %) и 2,7; 3,0 см (7,4 и 8,1 %).

Некоторое преимущество по высотным и широтным промерам тела обеспечили этим генотипам более высокие индексы растянутости, массивности и мясности (таблица 19).

Таблица 19 – Индексы телосложения бычков и телочек казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, n = 36

Ген/ генотип		Показатели, %						
		Индекс длиноногости	Индекс растянутости	Грудной индекс	Индекс сбитости	Индекс массивности	Индекс костистости	Индекс мясности
Бычки								
<i>CAPN1</i>	<i>CC</i>	47,9	114,8	67,5	123,1	141,3	17,1	81,8
	<i>CG</i>	50,2	108,9	67,6	124,4	135,5	18,2	79,6
	<i>GG</i>	50,7	112,8	67,2	119,9	135,3	16,8	78,9
<i>GH</i>	<i>VV</i>	50,0	110,4	75,5	126,2	139,3	18,8	81,1
	<i>LV</i>	51,9	108,9	75,7	127,0	138,3	18,4	79,0
	<i>LL</i>	52,1	109,2	74,7	126,8	138,5	19,6	80,1
Телочки								
<i>CAPN1</i>	<i>CC</i>	50,7	111,3	71,6	115,3	128,3	17,0	72,9
	<i>CG</i>	50,6	111,8	72,2	113,9	127,3	17,0	69,0
	<i>GG</i>	51,7	109,6	68,5	116,4	127,6	17,0	68,2
<i>GH</i>	<i>VV</i>	49,8	111,4	73,5	115,4	128,6	17,0	73,7
	<i>LV</i>	49,9	110,9	72,8	114,7	127,1	17,1	71,2
	<i>LL</i>	51,1	110,7	70,8	114,7	126,9	16,9	69,1

Так, бычки и телочки желательных *CC*- и *VV*-типов имели некоторое преимущество над своими сверстниками *GG*- и *LL*-генотипов по индексу растянутости на 2,0 % – *CAPN1*, 1,2 – *GH* и на 1,7 и 0,7 %; массивности – на 6,0 % – *CAPN1*, 0,8 – *GH* и на 0,7; 1,7 %; грудному индексу – на 0,3; 0,8 % у бычков и

3,1; 2,7 % у телочек; индексу мясности – на 2,9; 1,0 % у бычков и 4,7; 4,6 % у телочек соответственно.

Таким образом, бычки и телочки, генотип которых представлен желательными аллелями, имели некоторое преимущество по промерам тела и индексам телосложения, характеризующим ростовые и широтные признаки, связанные с выраженностью мясных форм.

#### **3.4. Морфологические и биохимические показатели крови у бычков разных генотипов по генам *CAPNI* и *GH***

Проведение биохимических исследований является неотъемлемой частью эффективного производства продукции животноводства, особенно это важно при использовании генетических методов, позволяющих определить генотипы животных в раннем возрасте и провести отбор наиболее ценных для дальнейшего разведения. Биохимические показатели крови в определенной степени отражают физиологическое состояние всего организма и характеризуют уровень его адаптации к различным факторам внешней среды (Донник И.М., Смирнов П.Н., 2001).

Интенсивность роста и развития животных зависит от содержания в крови эритроцитов и их насыщенности гемоглобином, которые снабжают ткани и органы организма кислородом для окислительно-восстановительных процессов в клетках. Лейкоциты крови играют важную роль в защитных реакциях крови путем формирования иммунного статуса. Путем выработки фагоцитарных антител они разрушают различные генетически чужеродные аквизиторы, попадающие в организм. С возрастом организм повышает свое защитное преимущество против воздействия неблагоприятных факторов внешней среды, что подтверждается содержанием лейкоцитов в крови и соответственно формированием иммунного статуса.

Общий белок и его фракции – одни из универсальных показателей, показывающих количество поступающих в кровь протеинов, обеспечивающих гомеостаз, постоянство рН, свертываемость крови и ее иммунный статус, осмоти-

ческое давление, участвующих в переносе структурных элементов крови и в регулировании многих других физиологических процессов. Альбумины создают коллоидно-осмотическое давление крови, благодаря чему осуществляется регуляция равновесия воды и электролитов между плазмой и тканями, сохраняется необходимый объем крови для нормальной циркуляции (Грига О.Э., Киц Е.А., 2013).

Сахар (глюкоза) в крови животных выполняет функцию наиболее доступного источника энергии и соответственно принимает участие в регуляции процессов энергетического обмена.

Другими важными элементами, регулирующими биохимические физиологические процессы, являются макро- и микроэлементы. Одним из важнейших компонентов системы, регулирующей проницаемость мембран, является кальций. Ионы кальция активируют процесс свертывания крови. Фосфор – незаменимый макроэлемент, участвующий практически во всех обменных процессах (регулирует усвоение глюкозы, отвечает за клеточный метаболизм и энергетический обмен, способствует продуцированию углеводов и белков).

Исходя из актуальности вышесказанного, для изучения морфо-биохимических и гематологических показателей было отобрано 36 проб крови (по 6 животных для каждой группы) бычков разных генотипов CC; CG; GG и VV; LV; LL генов CAPN1 и GH казахской белоголовой породы.

Установлено, что биохимические параметры крови у исследуемых животных находились в пределах физиологической нормы, при этом по некоторым показателям выявлены различия между бычками разных генотипов.

Так, у носителей желательных генотипов CC и VV генов CAPN1 и GH количество эритроцитов в крови составляло  $6,42$  и  $7,2 \times 10^{12}/л$ , и они имели некоторое превосходство над бычками нежелательных GG- и LL-генотипов по этому показателю – на 0,8% и 6,7% ( $P > 0,05$ ) соответственно. Однако разница не носила достоверного характера. Более высокое содержание эритроцитов в крови бычков желательных генотипов сопровождалось соответственно и более высоким уровнем гемоглобина. Уровень гемоглобина в группе желательных генотипов CC-CAPN1 и VV-GH был выше по сравнению со сверстниками GG- и LL-генотипов на 1,7% в гене CAPN1 и на 4,6% в гене GH ( $P > 0,05$ ), но также при

отсутствии достоверной разницы. Тем не менее это косвенно указывает на то, что в клетках органов и тканей отмечается несколько более интенсивный уровень окислительно-восстановительных функций, что положительно влияет на обменные процессы в организме, которые могут также отразиться на продуктивности животных.

Уровень лейкоцитов и глюкозы в крови достоверно превалировал у бычков желательных СС-CAPN1 и VV-GH-генотипов над GG-CAPN1 и LL-GH-генотипами – на 1,8 и  $1,0 \times 10^9/\text{л}$  и 3,6 и 3,5 мг/% соответственно ( $P < 0,05$ ). Достоверное превосходство отмечено и по уровню общего белка. Так, в сыворотке крови бычков желательного СС-генотипа его содержание составило 78,3 г/л, что на 8,6% ( $P < 0,05$ ) выше соответствующего показателя у сверстников нежелательного GG-генотипа. У бычков-носителей V аллеля в гомозиготном состоянии гена гормона роста содержание общего белка было 79,1 г/л, что на 7,9% ( $P < 0,05$ ) больше, чем у сверстников, в генотипе которых V аллель не выявлен. При сопоставлении содержания кальция, фосфора и магния значимых различий между животными разных генотипов не выявлено.

В современных условиях при повышенном отрицательном воздействии факторов внешней среды на организм животных большое значение оказывают естественные физиологические механизмы защиты, в которых особую роль играет неспецифическая резистентность. Поэтому для более полной характеристики состояния организма бычков определяли факторы неспецифической защиты организма – бактерицидную и лизоцимную активность сыворотки крови (БАСК, ЛАСК).

Анализ показателей резистентности организма свидетельствуют о том, что бычки желательных СС-CAPN1 и VV-GH генотипов по бактерицидной и лизоцимной активности сыворотки крови имели тенденцию к превосходству над бычками GG- и LL-генотипов соответственно на 1,36; 1,2 и 3,9 и 1,2 % ( $P > 0,05$ ), при этом разница была недостоверной (таблица 20).



Таблица 20 – Морфологические и биохимические показатели крови у бычков разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*,  
(n = 36)

Ген/ генотип		Показатели													
		Гематологические и биохимические показатели							Белок и его фракционный состав в сыворотке крови				Уровень естественной резистентности, %		
		Гемоглобин, г/л	Эритроциты, 10 <sup>12</sup> /л	Лейкоциты, 10 <sup>9</sup> /л	Глюкоза, мг %	Са, ммоль/л	Р, ммоль/л	Mg, ммоль/л	Общий белок, г/л	Белковые фракции, %			БАСК	ЛАСК	
										Альбумины	Глобулины				
								α	β		γ				
CAPN1	CC	95,8 ±3,93	6,4 ±0,1	8,1* ±0,5	56,4* ±0,87	1,62 ±0,04	1,89 ±0,05	2,01 ±0,08	78,3 ±2,1	24,4 ±1,0	11,3 ±0,6	9,0 ±2,0	33,6 ±2,8	48,7 ±1,07	43,31 ±0,98
	CG	94,4 ±2,71	6,1 ±0,3	7,4 ±0,5	54,8 ±1,54	1,69 ±0,03	1,87 ±0,06	1,98 ±0,06	76,5 ±2,2	22,2 ±1,9	12,6 ±0,35	9,8 ±1,6	32,1 ±1,3	47,18 ±1,5	41,83 ±3,1
	GG	94,2 ±7,99	6,3 ±0,6	6,3 ±0,6	52,8 ±0,56	1,62 ±0,04	1,88 ±0,03	1,93 ±0,04	72,7 ±1,6	21,0 ±5,3	14,8 ±3,4	8,2 ±0,8	28,7 ±1,1	47,34 ±2,13	39,41 ±2,9
GH	VV	102,4 ±2,6	7,2 ±0,8	8,9* ±0,3	56,6* ±0,93	1,47 ±0,03	2,01 ±0,06	1,97 ±0,01	79,1 ±0,6	34,7 ±2,67	10,6 ±0,53	5,8 ±0,38	28,1 ±2,28	49,1 ±2,8	42,8 ±2,4
	LV	96,8 ±1,86	6,4 ±0,3	7,8 ±0,8	55,8 ±2,45	1,43 ±0,04	2,06 ±0,08	1,98 ±0,03	74,7 ±1,7	33,1 ±3,15	9,1 ±0,8	7,8 ±0,27	24,8 ±2,38	47,28 ±4,5	40,16 ±2,3
	LL	97,9 ±4,3	6,7 ±0,6	7,5 ±0,5	53,1 ±1,23	1,48 ±0,06	1,99 ±0,05	1,93 ±0,04	73,3 ±0,8	28,6 ±4,65	8,9 ±1,83	8,7 ±0,65	27,1 ±3,1	47,91 ±0,98	41,6 ±0,75

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении CAPN1 – CC-GG; GH – VV-LL.

Таким образом, изучение гематологических и биохимических показателей бычков разных генотипов показало, что по большинству параметров, которые находились в пределах физиологической нормы, различий не установлено. Животные – носители желательных аллелей в гомозиготном состоянии имели выше уровень эритроцитов, гемоглобина и отличались большим содержанием белка, уровнем неспецифической резистентности, что в определенной степени отражает повышенный уровень некоторых обменных процессов и, по-видимому, влияет на формирование более высоких продуктивных качеств, в частности, живой массы, на что указывалось в главе 3.3.

Проведение биохимических исследований также важно для контроля показателей, отражающих напряженность обмена веществ, и в случае значительных отклонений позволит вовремя принимать корректирующие действия для обеспечения здоровья животных и высокого уровня их продуктивности.

Одной из задач собственных исследований было изучение жирнокислотного состава липидов плазмы крови бычков разных генотипов по генам кальпаина и гормона роста. Актуальность их проведения была обусловлена тем, что липиды в метаболическом отношении очень активны: они составляют 70,0% нервной ткани, основу мембран и клеточных органелл, гормонов, ферментов (Козлов М.В., 2007). Им принадлежит важная роль в обменных процессах животного организма не только как источника энергии, но и присущи более существенные функции – структурные, регуляторные. В метаболических процессах липиды принимают участие главным образом в виде свободных жирных кислот, в том числе насыщенных (предельных), ненасыщенных (непредельных), структура которых зависит от числа углеродных атомов.

Интересно отметить, что жирные кислоты не только играют важную роль в жизнедеятельности организма, формировании продуктивности, но и некоторые из них выполняют роль сигнальных молекул, включенных в процесс экспрессии отдельных генов, то есть образование жира в жировой ткани жвачных животных приводится в действие и модулируется определенными генами ДНК (Roh S.-G. et al., 2006).

Вышеизложенное послужило основанием, как отмечалось выше, для изучения жирнокислотного обмена липидов у бычков казахской белоголовой породы разных генотипов.

Хроматографическим анализом крови выявлено 10 жирных кислот, из них миристиновая ( $C_{14:3}$ ), пентадекановая ( $C_{15:0}$ ), пальмитиновая ( $C_{16:0}$ ), гептадекановая ( $C_{17:0}$ ), стеариновая ( $C_{18:0}$ ) – насыщенные, или предельные, жирные кислоты, гептадеценная ( $C_{17:1}$ ), олеиновая ( $C_{18:1}$ ) – мононенасыщенные, линолевая ( $C_{18:2}$ ), линоленовая ( $C_{18:3}$ ) и арахидоновая ( $C_{20:4}$ ) – относящиеся к классу полиненасыщенных, или непредельных, жирных кислот.

Сравнительный анализ жирнокислотного состава общих липидов крови бычков разных генотипов свидетельствует как о его схожести, так и различии. Качественный состав был идентичен, однако что касается количества, то больший процент от общей суммы жирных кислот у исследуемого поголовья составили такие кислоты, как пальмитиновая, стеариновая, олеиновая, линолевая. При этом наибольшая их концентрация была в плазме крови бычков с гомозиготным CC-, VV-генотипами, что нашло отражение в сумме насыщенных и ненасыщенных жирных кислот, а также в цифровых значениях индексов, отражающих уровень липидного обмена, а именно: ИНЛ – индекс направленности липидного обмена, то есть отношение суммы предельных (насыщенных) к сумме непредельных (ненасыщенных) жирных кислот; ИИОЛ – индекс интенсивности обмена липидов, то есть отношение содержания пальмитиновой кислоты к содержанию олеиновой кислоты. Приведенные данные во всех случаях рассматривались как статистически высоко достоверные, при уровне значимости от  $P < 0,001$  до  $P < 0,01$ , (приложение 5, таблицы 21 и 22).

Таблица 21 – Жирнокислотный состав липидов плазмы крови бычков казахской белоголовой породы разных генотипов, %, n = 36

Название и код кислот	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Насыщенные ЖК						
Миристиновая $C_{14:0}$	0,67	0,58	0,84	0,93	0,67	0,84
Пентадекановая $C_{15:0}$	0,78	0,65	0,60	0,42	0,31	0,68
Пальмитиновая $C_{16:0}$	22,12	22,81	23,02	24,21	21,67	22,99
Гептадекановая $C_{17:0}$	2,69	2,49	1,91	1,83	1,40	2,15
Стеариновая $C_{18:0}$	21,81	24,11	24,51	22,51	25,82	26,33

## Продолжение таблицы 21

Название и код кислот	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Мононенасыщенные ЖК						
Олеиновая C <sub>18:1</sub>	26,44	25,01	25,72	22,52	23,48	22,48
Гептадеценовая C <sub>17:1</sub>	1,84	1,69	1,32	2,49	1,74	1,68
Полиненасыщенные ЖК						
Линолевая C <sub>18:2</sub>	17,35	16,97	16,01	19,25	18,23	17,01
Линоленовая C <sub>18:3</sub>	2,65	1,95	2,47	3,31	2,71	2,30
Арахидоновая C <sub>20:4</sub>	3,63	3,48	3,30	2,25	3,90	2,98

Установлено, что у бычков казахской белоголовой породы гомозиготных *CC*- и *VV*-генотипов генов *CAPN1* и *GH* сумма ненасыщенных жирных кислот в плазме крови была выше, чем у гомозиготных *GG*- и *LL*-вариантов, соответственно на 6,3% и 7,1%. Превалирование уровня ненасыщенных жирных кислот над насыщенными определило и меньшие значения индекса направленности липидного обмена (ИНЛ) у *CC*- и *VV*-генотипов – 0,92 и 1,00 против 1,04 и 1,13 у *GG*- и *LL*-генотипов. Сравнительный анализ содержания общих липидов, холестерина и глюкозы в крови выявил, что у *CC*-, *VV*-гомозигот и *CG*-, *LV*-гетерозигот генов *CAPN1*, *GH* общее количество липидов, глюкозы в крови было ниже в среднем на 11,2 %, при более высоком, в среднем на 12,8 %, уровне холестерина, чем у *GG*-, *LL*-гомозигот (таблица 22).

Таблица 22 – Уровень метаболитов энергетического обмена в плазме крови бычков казахской белоголовой породы разных генотипов, n = 36

Ген	Генотип	Показатели						ИНЛ
		Липиды, г/л	Холестерин, ммоль/л	Глюкоза, ммоль/л	Сумма кислот, %			
					насыщенных	мононенасыщенных	полиненасыщенных	
CAPN1	CC	3,96* ±0,21	4,78 ±0,33	3,37 ±0,31	48,07	28,28	23,63	0,92
	CG	4,02 ±0,23	4,41* ±0,22	3,68 ±0,22	50,64	26,70	22,40	0,96
	GG	4,42 ±0,17	3,92 ±0,17	4,02 ±0,19	50,88	27,04	21,78	1,04
GH	VV	4,08* ±0,28	5,03* ±0,24	3,74 ±0,37	49,88	25,01	24,81	1,00
	LV	4,65 ±0,33	4,87 ±0,18	3,91* ±0,18	49,87	25,22	24,84	0,99
	LL	4,82 ±0,17	4,33 ±0,31	4,26 ±0,22	52,90	24,16	22,29	1,13

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении *CAPN1* – *CC*-*GG*; *GH* – *VV*-*LL*.

Таким образом, полученные данные свидетельствуют о том, что интенсивность липидного обмена у молодняка казахской белоголовой породы зависела от генотипа по генам *CAPNI* и *GH*.

Можно предположить, что животные – носители желательных *C*- и *V*-аллелей генов *CAPNI* и *GH* в гомо- и гетерозиготном состоянии с большей интенсивностью использовали энергетические компоненты крови при реализации биосинтетических процессов.

### **3.5. Мясная продуктивность бычков разных генотипов по генам *CAPNI* и *GH***

#### **3.5.1. Убойные показатели**

Важным аспектом в оценке действия определенных генов на продуктивность сельскохозяйственных животных является комплексный анализ количественно-качественных показателей конечной продукции. Для скота мясного направления продуктивности такой продукцией является количество производимого мяса, его пищевые свойства, энергетическая ценность, качество и безопасность, потребительские свойства, определяемые в том числе по химическим, биохимическим и микроструктурным показателям (Королев В.Л., 2010; Кайдулина А.А., 2014; Смагулов А.К., Ораз Г.Т., 2018).

Сравнительный анализ убойных показателей бычков разных генотипов выявил, что наибольшая предубойная, убойная масса и масса туши отмечались у гомозиготных *CC*- и *VV*-животных по генам *CAPNI* и *GH*. Их превосходство над *GG*- и *LL*-генотипами составило соответственно 19,3; 16,2 и 16,4 кг и 19,8; 19,1 и 16,1 кг ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,001$ ). Большие масса мякоти – на 9,0 и 9,1% ( $P < 0,05$ ) и убойный выход – на 1,4 и 2,0 % обеспечили данным генотипам превосходство по коэффициенту мясности на 4,1 и 2,0% (таблица 23).

Полученные результаты свидетельствуют о достоверном влиянии генов кальпаина и гормона роста на убойные показатели бычков казахской белоголовой породы. Присутствие в них *C*- и *V*-аллелей оказывает положительное влияние на выход туши, содержание в ней мякоти, коэффициент мясности.

Таблица 23 – Убойные показатели бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, 12 мес., n = 18

Показатели	Ген/генотип					
	CAPN1			GH		
	CC (n=3)	CG (n=3)	GG (n=3)	VV (n=3)	LV (n=3)	LL (n=3)
Предубойная живая масса, кг	379,2±2,53**	367,9±1,95	359,9±1,82	382,7±2,20**	371,8±1,97	362,9±2,33
Убойная масса, кг	221,1±2,58**	210,3±2,15	204,9±2,33	228,0±1,45**	219,0±1,76	208,9±1,20
Масса остывшей туши, кг	210,8±2,07**	200,7±1,88	194,4±1,85	214,9±1,86**	207,1±1,62	198,8±0,58
Масса мякоти после обвалки, кг	164,6±1,87*	156,7±1,53	150,9±1,45	170,1±2,18**	162,9±1,86	155,9±0,54
Масса костей, кг	40,3±0,32	39,1±0,18	38,5±0,19	41,6±0,18	40,2±0,12	38,9±0,18
Масса внутреннего жира, кг	10,3±0,23	9,6±0,32	10,5±0,12	13,1±0,31	11,9±0,22	10,1±0,39
Масса хрящей и сухожилий, кг	5,9±0,18	4,9±0,19	5,0±0,17	3,2±0,22	4,0±0,19	4,0±0,18
Убойный выход, %	58,3	57,1	56,9	59,6	58,9	57,6
Выход туши, %	55,6	54,5	54,0	56,1	55,7	54,8
Выход мякоти, %	78,1	78,0	77,6	79,1	78,7	78,4
Выход костей, %	19,1	19,4	19,8	19,5	19,4	19,6
Коэффициент мясности	4,08	4,01	3,92	4,09	4,05	4,01

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении CAPN1 – CC-GG; GH – VV-LL.

### 3.5.2. Химический анализ мяса

Пищевая ценность и качество мяса определяются его химическим составом. Согласно литературным данным, на долю мякоти приходится 75% массы туши. Но поскольку в ее состав входят мышечная, жировая и соединительная ткани, химический состав мякоти не может в полной мере дать качественную оценку мяса. Поэтому при изучении химического состава мяса особое внимание было уделено химическому анализу длиннейшей мышцы спины, поскольку она является наиболее крупной и ее химический состав позволяет объективно судить о качестве мышечной ткани всей туши (Борисова Н.В., 2001).

Химический состав длиннейшей мышцы спины (количество влаги, белка, жира, калорийность) изучали в условиях лаборатории ветеринарной медицины согласно методикам, утвержденным межгосударственными стандартами ГОСТ.

Анализ результатов химического анализа длиннейшей мышцы спины, согласно данным, представленным в таблице 24, выявил превосходство *СС*- и *VV*-генотипов соответственно в генах кальпаина и гормона роста по содержанию сухого вещества, белка и жира над другими генотипами.

Таблица 24 – Химический анализ длиннейшей мышцы спины бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, 12 мес., n = 18

Показатель	Генотип					
	CAPN1			GH		
	CC	GC	GG	VV	LV	LL
Общая влага, %	73,47* ±0,27	74,90 ±0,29	75,02 ±0,18	74,37 ±0,21	73,61 ±0,17	74,84 ±0,24
Сухое вещество, %	26,53* ±0,16	25,10* ±0,12	24,98 ±0,15	25,63 ±0,17	26,39* ±0,09	25,16 ±0,17
Белок, %	22,45** ±0,11	21,49 ±0,17	21,12 ±0,14	23,12** ±0,14	21,99* ±0,17	20,99 ±0,12
Жир, %	2,89* ±0,04	2,47 ±0,03	2,38 ±0,03	2,98** ±0,04	2,79 ±0,04	2,60 ±0,02
Зола, %	1,19 ±0,01	1,14 ±0,01	1,19 ±0,01	1,21 ±0,01	1,17 ±0,01	1,12 ±0,01

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении *CAPN1* – *CC-GG*; *GH* – *VV-LL*.

Так, наименьшее содержание общей влаги наблюдалось в образцах длиннейшей мышцы спины гомозиготных генотипов *CC* гена *CAPN1*, которое составило

вило 73,47% и было в среднем на 1,5 % меньше, чем в образцах мышечной ткани *GG*-генотипа. В гене *GH* наименьшее количество общей влаги имели образцы гетерозиготного генотипа *LV* – 73,61%, что было меньше, чем в образцах гомозигот *VV* и *LL*, на 0,76 и 1,23 % соответственно.

В образцах мышечной ткани *CC*- и *VV*-генотипов соответственно в генах *CAPN1* и *GH* было выявлено большее содержание белка и жира по сравнению с образцами мышечной ткани генотипов *GG* и *LL*. Разница над другими генотипами была в диапазоне 0,19–2,13 % ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,01$ ).

Наряду с определением химического состава мяса при определении качества мяса используют соотношения влага/жир, белок/жир (Фатьянов Е.В., Сидоров С.А., 2015). Для функционально-технологической оценки мяса бычков разных генотипов были рассмотрены соотношения влага/жир, белок/жир и калорийность 100 г мяса (Соколов А., 1965; Горбатов В.М., 1973).

При анализе данных о соотношении влага/жир, характеризующего сортность мяса, нами было установлено, что все образцы относились к высокой сортовой принадлежности, так как, согласно А. Соколову (1965), В.М. Горбатову (1973), при значении соотношения  $20,0 \pm 5,0$ , говядина считается спелой и соответствует высшей и средней категории упитанности (таблица 25).

Таблица 25 – Функционально-технологические характеристики мяса бычков разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*, 12 мес.,  $n = 18$

Показатель	Генотип					
	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Соотношение влага/жир	25,42 $\pm 2,6$	30,32 $\pm 2,5$	31,52 $\pm 0,4^*$	24,95 $\pm 4,1$	26,38 $\pm 2,6^*$	28,78 $\pm 2,9$
Соотношение белок/жир	7,77 $\pm 1,2$	8,70 $\pm 1,6$	8,87 $\pm 0,07$	7,76 $\pm 1,6$	7,88 $\pm 0,5^{**}$	8,07 $\pm 0,8$
Калорийность 100 г мяса, Ккал	118,9 $\pm 7,9^{**}$	111,1 $\pm 2,5^*$	109,9 $\pm 2,5$	122,5 $\pm 5,0^*$	117,9 $\pm 3,6$	112,1 $\pm 9,2$

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении *CAPN1* – *CC-GG*; *GH* – *VV-LL*.

Различное содержание белка и жира в мясе экспериментальных животных отразилось на его калорийности. Так, наибольшая калорийность наблюдалась в образце длиннейшей мышцы спины гомозиготного генотипа *CC* – 118,9 Ккал,



что на 7,02% выше, чем в образце гетерозиготного генотипа *CG*, и на 8,2% – чем гомозиготного генотипа *GG*. В образцах с желательной для селекции аллелью *V* гена соматотропина более высокая калорийность 100 г мяса отмечалась в длиннейшей мышце спины гомозиготного генотипа *VV* – 122,5 Ккал, что было выше на 3,9% и 9,3%, чем в образцах гетерозиготного генотипа *LV* и гомозиготного генотипа *LL* соответственно.

### 3.5.3. Микроструктурный гистологический анализ качества мяса

Для более полной характеристики качества мяса животных опытных групп были проведены гистологические исследования длиннейшей мышцы спины (на уровне 6 – 11 грудных позвонков), поскольку она принадлежит к наиболее крупным мышцам позвоночного столба, входит в состав высокосортного мяса и традиционно используется для сравнительной характеристики микроструктур мышц у животных разных видов (Дмитрик И.И., 2011; Хвыля С.И., 2012; Будаева А.Б. и соавт., 2019), (рисунок 7).

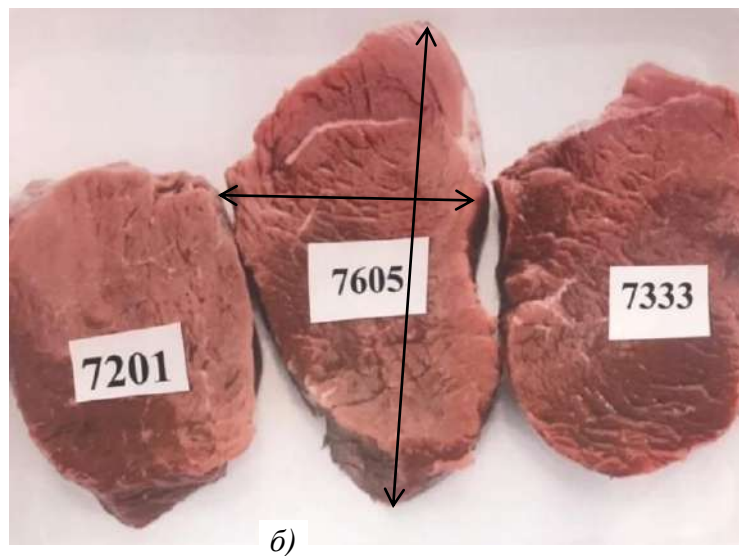


Рисунок 7 – Мышечный глазок длиннейшей мышцы спины (*L. Dorsi*) бычков разных генотипов (7201 – *CG-LL*; 7605 – *GG-VV*, 7333 – *CC-LL*)

Сопоставление полученных данных позволило установить, что наибольшее количество мышечных волокон наблюдалось у бычков, имеющих желательных аллели в гомозиготном состоянии – генотипов *CC* и *VV* соответственно в генах *CAPNI* и *GH*. Они достоверно превосходили своих сверстников, в гено-

типе которых *C*- и *V*-аллели не были выявлены, на 36,82 шт/мм<sup>2</sup> (19,7%,  $P < 0,01$ ) в гене *CAPN1* и на 55,7 шт/мм<sup>2</sup> (31,4%,  $P < 0,001$ ) – в гене *GH*.

Диаметр мышечных волокон в мясе бычков, имеющих желательный генотип *CC* и *VV*, в сравнении с *GG* и *LL* был меньше на 4,23 мкм (11,9 %) и на 6,82 мкм (16,8 %) ( $P < 0,001$ ) соответственно (таблица 26).

В результате микроскопического анализа было выявлено, что мышечные волокна разделены соединительно-тканными прослойками на отдельные мышечные пучки. По ходу соединительно-тканных прослоек отмечены скопления жировых клеток. Благодаря такому расположению жировых клеток создается хорошо выраженная «мраморность» мышц (рисунки 8 и 9).

Мясо животных, имеющих гомозиготные генотипы *CC* и *VV* по исследованным генам, по величине коэффициента «мраморности» достоверно отличалось от мяса животных, не проявивших генотип *GG* и *LL*, на 12,6% ( $P < 0,001$ ) в гене *CAPN1* и 15,1% ( $P < 0,001$ ) – в гене *GH*.

Содержание соединительной ткани было больше у животных нежелательного типа аллелей *G* и *L*, чем у животных желательного генотипа, на 2,13 ( $P < 0,001$ ) и 3,34 ( $P < 0,01$ ) %.

Также одним из показателей, характеризующих мясную продуктивность, является мясность – площадь мышечного глазка. Мясность у животных желательного генотипа *CAPN1<sup>CC</sup>* и *GH<sup>VV</sup>* была выше, чем у животных нежелательных типов на 15,29 и 16,85 см<sup>2</sup>, или 35,8 и 32,5%% ( $P < 0,001$ ) (таблица 26).

Таблица 26 – Микроструктурный анализ *L. Dorsi* бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH*,  $n = 18$

Ген	Генотип	Показатели				
		Количество мышечных волокон на мм <sup>2</sup> , шт.	Диаметр мышечного волокна, мкм	Общая оценка «мраморности», балл	Содержание соединительной ткани, %	Мясность (площадь мышечного глазка), см <sup>2</sup>
<i>CAPN1</i>	<i>CC</i>	224,07* ±8,31	33,57** ±0,43	31,27** ±0,82	10,60 ±0,31	57,93 ±3,65
	<i>CG</i>	219,85 ±1,96	36,25* ±0,59	28,77** ±0,76	11,53 ±0,44	49,04 ±1,79
	<i>GG</i>	187,25 ±3,60	37,80 ±1,93	27,75 ±0,14	12,73 ±0,37**	42,64 ±3,03

## Продолжение таблицы 26

Ген	Генотип	Количество мышечных волокон на мм <sup>2</sup> , шт.	Диаметр мышечного волокна, мкм	Общая оценка «мраморности», балл	Содержание соединительной ткани, %	Мясность (площадь мышечного глазка), см <sup>2</sup>
GH	VV	233,18* ±5,72	33,78** ±0,17	29,28** ±0,41	10,93 ±0,35	68,77** ±0,61
	LV	199,25 ±5,41	35,89 ±0,47	27,94* ±0,99	12,73 ±0,59	59,92 ±0,67
	LL	177,48 ±1,89	40,60 ±1,41	25,43 ±0,60	14,27** ±0,87	51,92 ±1,51

Примечание. \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$  при сравнении CAPN1 – CC-GG; GH – VV-LL.

Вышеизложенное наглядно демонстрируют гистологические срезы на рисунках 8 и 9.

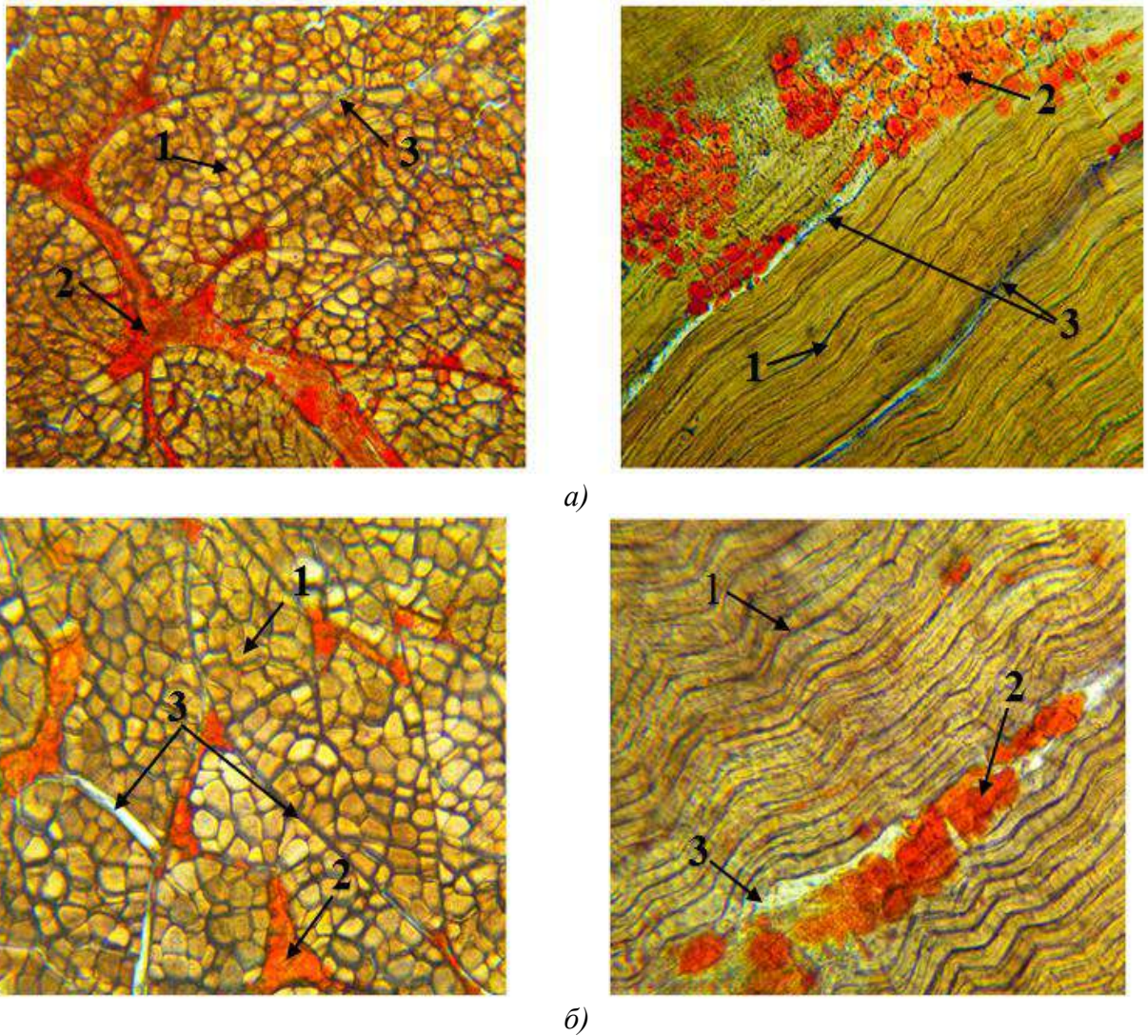
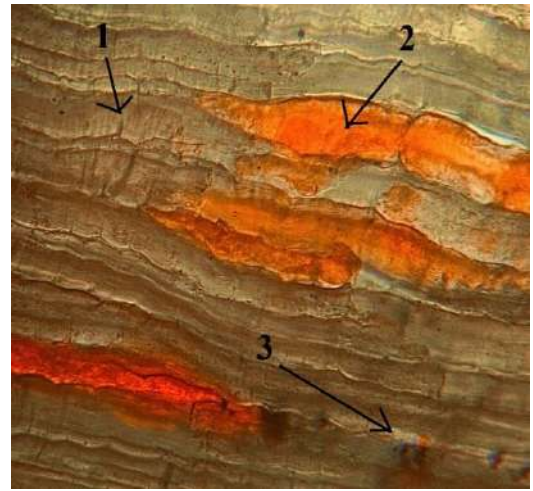
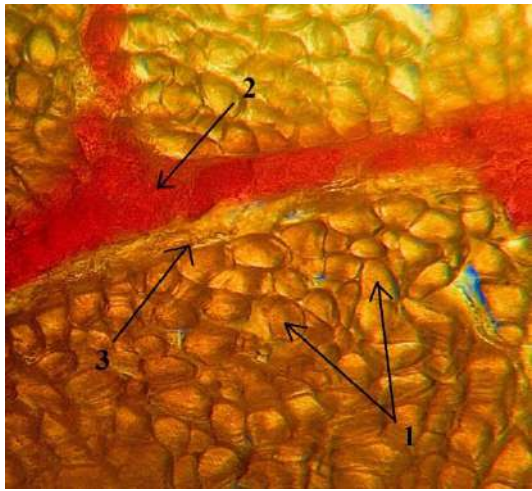
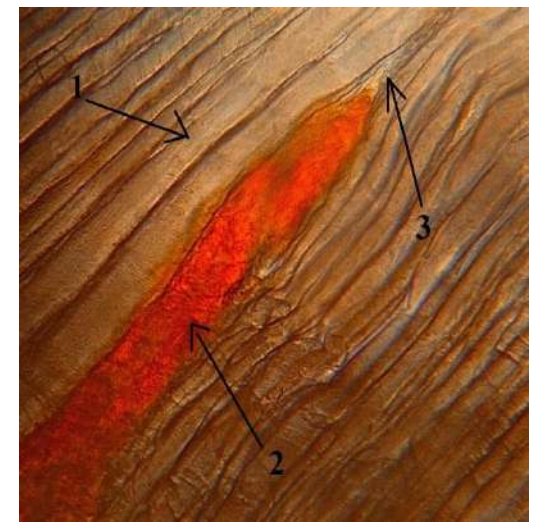
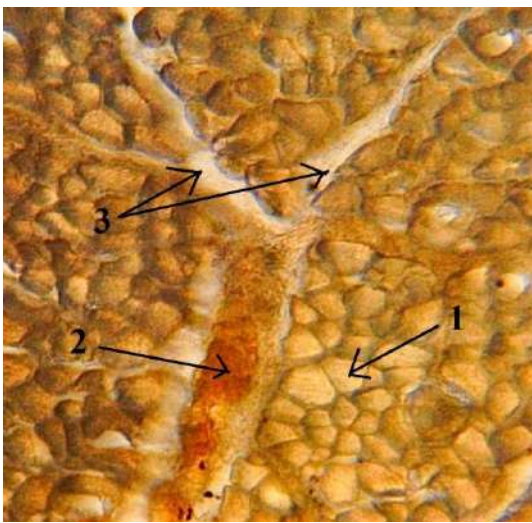


Рисунок 8 – Гистологические срезы *L. Dorsi* бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по гену CAPN1: а – CC-генотип; б – GG-генотип (слева – поперечные; справа – продольные); 1 – мышечные волокна; 2 – жировая ткань; 3 – соединительная ткань (окраска: гематоксилин Каррарчи и судан III, увел. 10×40)



a)



б)

Рисунок 9 – Гистологические срезы *L. Dorsi* бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по гену *GH*: а – VV-генотип; б – LL-генотип (слева – поперечные; справа – продольные); 1 – мышечные волокна; 2 – жировая ткань; 3 – соединительная ткань (окраска: гематоксилин Карраччи и судан III, увел. 10×40)

Таким образом, химический анализ и гистологические исследования мышечной ткани позволили установить, что мясо животных *СС*- и *VV*-генотипов генов кальпаина и гормона роста характеризовалось бóльшим содержанием белка, жира и, соответственно, энергетической ценностью по сравнению с *GG*- и *LL*-генотипами. Мышечная ткань бычков желательных генотипов имела бóльшую оценку «мраморности» за счет большего количества межволоконных жировых включений. При этом количество мышечных волокон на единицу площади было больше, при меньшем их диаметре.

### 3.6. Экономическая эффективность выращивания животных направленной селекции

Расчет экономической эффективности производства мясной продукции крупного рогатого скота разных генотипов в генах-маркерах мясной продуктивности кальпаина – *CAPNI* (*CC*, *CG*, *GG*) и соматотропина – *GH* (*VV*, *LV*, *LL*), находящегося в одинаковых условиях кормления и содержания, проводился на основании суммарных затрат на производство продукции, данных приростов живой массы и выручки от реализации продукции в течение опытного периода, по ценам, сложившимся на год исследований.

Производственные затраты на выращивание опытных животных были одинаковыми для всех генотипов, поскольку животные находились в одних условиях кормления и содержания, и определялись по сумме затрат, складывающихся из затрат на корма, заработную плату, ветеринарное обслуживание, а также общехозяйственных расходов. На основании данных бухгалтерского учета хозяйства по перечисленным статьям затрат производственные затраты в 2019 году составили 48 700,0 тыс. рублей на одно животное. Средняя рыночная цена реализации 1 кг говядины по Ставропольскому краю в 2019 году составляла 270 рублей.

От бычков-гомозигот желательных аллелей *C* и *V* были получены более тяжеловесные туши, чем от сверстников нежелательных генотипов, на 16,42 кг (*CAPNI*) и 16,10 кг (*GH*). Это преимущество обеспечило получение большей на 4428,0 и 4347,0 рублей прибыли от реализации продукции, полученной от бычков генотипов *CAPNI-CC* и *GH-VV* в сравнении с *CAPNI-GG* и *GH-LL* и соответственно выше уровень рентабельности – на 9,1 и 8,9 абс.%.

Следует отметить, что самый высокий уровень рентабельности был при разведении и реализации продукции от бычков *GH-VV* генотипа и составил 19,1% (таблица 27).

Таблица 27 – Экономическая эффективность выращивания бычков разных генотипов на мясо (в ценах 2019 г.), n = 18

Показатели	Ген/генотип					
	CAPN1			GH		
	CC	CG	GG	VV	LV	LL
Масса туши, кг	210,8	200,7	194,4	214,9	207,1	198,8
Производственные затраты, руб.	48700,0	48700,0	48700,0	48700,0	48700,0	48700,0
Реализационная цена 1 кг мяса, руб.	270,0	270,0	270,0	270,0	270,0	270,0
Выручка от реализации продукции, руб.	56916,0	54189,0	52488,0	58023,0	55917,0	53676,0
Прибыль, руб.	8216,0	5489,0	3788,0	9323,0	7217,0	4976,0
Уровень рентабельности, %	16,9	11,3	7,8	19,1	14,8	10,2

Таким образом, установлено, что наибольший экономический эффект достигается при направленной селекции для получения и выращивания молодняка гомозиготного генотипа *CC* и *VV* генов *CAPN1* и *GH*. В количественном отношении по выходу мясной продукции приоритетен *GH-VV*-генотип, однако в качественном аспекте, а именно с точки зрения производства «нежной» и более «мраморной» говядины, следует отдать предпочтение животным *CAPN1-CC*-генотипа. При этом наиболее ценными для племенного отбора и дальнейшего тиражирования являются животные, в генотипе которых присутствуют желательные аллели в обоих генах, и особенно те особи, где они находятся в гомозиготном состоянии.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В результате проведенных исследований были получены новые знания по биоразнообразию, генетической структуре и формах ассоциаций полиморфизма генов кальпаина и соматотропина с хозяйственно ценными продуктивными признаками в популяции крупного рогатого скота отечественной казахской белоголовой породы в условиях юга России.

На основании проведенных исследований и обобщения, полученных в ходе работы данных, были сделаны следующие выводы:

1. Полиморфизм генов CAPN1 и GH крупного рогатого скота казахской белоголовой породы представлен двумя аллелями: C, G; V, L; тремя генотипами: CC, CG, GG и VV, LV, LL, соответственно с разной частотой встречаемости: чаще в пределах 0,83–0,89; 72,0–81,0 % аллеля G, генотипа GG гена CAPN1 и 0,60–0,81; 51,0–66,0 % аллеля L, генотипа LL гена GH, но реже – аллелей C, V генотипов CC, VV генов CAPN1 и GH – 0,11–0,17; 3,0–6,0 % и 0,19–0,40; 3,0–31,0 %, составивших, в среднем, во всех половозрастных группах соответственно.

2. Частота встречаемости селекционно значимых аллелей CAPN1-C и GH-V в стаде коров в среднем составила – 1,87; ремонтных телочек – 7,81; бычков – 4,30; бычков-производителей – 11,43 %.

3. Преимущество молочности матерей-носителей CAPN1-CC и GH-VV генотипов обеспечило более высокие показатели живой массы их потомков в возрасте 205 дней на 6,8; 5,4 %, ( $P < 0,05$ ).

4. Живая масса молодняка носителей CAPN1-CC и GH-VV генотипов в 8- и 12-месячном возрасте была выше у бычков на 13,8 и 14,6 %; 6,9 и 6,9 %; у телочек – на 8,3 и 5,2%; 7,9 и 6,3 %, соответственно по сравнению с CAPN1-GG и GH-LL генотипами ( $P < 0,05$ ;  $P < 0,01$ ;  $P < 0,001$ ).

5. Интенсивность липидного обмена была выше у носителей CAPN1-CC и GH-VV генотипов, чем у аналогов CAPN1-GG и GH-LL. Сумма ненасыщенных жирных кислот липидов плазмы крови была выше у CAPN1-CC и GH-VV генотипов на 6,3 и 7,1 %; величина индекса насыщенности липидов (ИНЛ)

составляла: 1,04 и 1,13 против 0,92 и 1,00 CAPN1-GG и GH-LL генотипов соответственно ( $P < 0,05$ ).

6. Присутствие в генотипе CAPN1-C и GH-V аллелей сопровождалось большей величиной предубойной, убойной массы животных, а также массы туши, процента мякоти в ней, убойного выхода и коэффициента мясности на 19,3; 16,2; 16,4 и 19,8; 19,1; 16,1 кг и 9,0; 1,4; 4,1 и 9,1; 2,0; 2,0 % соответственно ( $P < 0,05$ ;  $P < 0,001$ ).

7. Содержание жира и белка в мышечной ткани, ее калорийность у CAPN1-CC и GH-VV генотипов выше, чем у CAPN1-GG и GH-LL аналогов, на 0,19–2,13% и 3,9–9,3% ( $P < 0,01$ ;  $P < 0,05$ ).

8. Большее количество волокон длиннейшей мышцы спины на единицу площади было у бычков CAPN1-CC и GH-VV по сравнению с CAPN1-GG и GH-LL генотипами на 19,7 и 31,4 %, но с меньшим их диаметром на 11,9 и 16,8 % соответственно. Величина коэффициента «мраморности» CAPN1-CC и GH-VV генотипов составила 31,27 и 29,28 единиц при балльной оценке против CAPN1-GG и GH-LL на 12,6 и 15,1 % ( $P < 0,01$ ;  $P < 0,001$ ).

9. Рентабельность выращивания бычков – носителей CAPN1-CC и GH-VV генотипов составила 16,9 и 19,1 %, а у CAPN1-GG и GH-LL – 7,8 и 10,2 % с разницей в пользу первых на 9,1 и 8,9 %.



## ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ

В программы селекционно-племенной работы со стадами казахской белоголовой породы включать генотипирование по генам кальпаина и соматотропина.

В селекционные группы отбирать носителей аллелей *C* и *V* соответственно в генах кальпаина и соматотропина, при этом учитывать, что наиболее ценными для селекции являются животные, в генотипе которых желательные аллели присутствуют в обоих генах в гомозиготном состоянии.

С целью разработки стратегии крупномасштабной селекции с разными породами мясного скота желательно сформировать единую базу данных о генотипах животных по генам, связь которых с продуктивными показателями определена, а также по новым генам-кандидатам.

## ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ

В дальнейших исследованиях целесообразно продолжить поиск новых генов-маркёров, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками мясного скота.

Перспективно направление по разработке регламентов и методик по контролю качественных показателей мясной продуктивности мясного скота на основе гистологических исследований.

## СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Амерханов, Х.А. Научное обоснование инновационных технологий производства говядины на юге России / Х.А. Амерханов, И.М. Дунин, И.В. Щукина, А.Г. Коцаев, С.Ю. Шуклин. Краснодар, 2019.
2. Амерханов, Х.А. Действие полиморфизма гена гормона роста на весовой рост телок / Х.А. Амерханов, Ф.Г. Каюмов, Р.Ф. Третьякова // Молочное и мясное скотоводство. – 2020. – № 5. – С. 5-8.
3. Адуцкевич, В.А. Микроструктурный анализ мяса и мясопродуктов. Обзорная информация / В.А. Адуцкевич, А.А. Белоусов, Б.В. Гариан, В.И. Плотников // М.: ЦНИИТИ, 1973. – С. 93.
4. Айбазов, А-М.М. Создание биоресурсных коллекций – необходимое условие сохранения и рационального использования генетических ресурсов животных / А-М.М. Айбазов, Т.В. Мамонтова // Сельскохозяйственный журнал. – 2018. – № 2 (11). – С. 54–62.
5. Аслалиев, А.Д. Особенности роста и развития животных галловейской породы в условиях Забайкальского края / А.Д. Аслалиев, Д.Ц. Гармаев // Вестник Бурятской государственной сельскохозяйственной академии им. В.Р. Филиппова. – 2016. – № 2 (43). – С. 107–110.
6. Бейшова, И.С. Полиморфизмы генов соматотропинового каскада, ассоциированные с мясной продуктивностью коров казахской белоголовой породы / И.С. Бейшова // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2018. – № 1. – С. 58–62.
7. Бейшова, И.С. Фенотипические эффекты генов соматотропинового каскада, ассоциированных с мясной продуктивностью у коров казахской белоголовой породы / И.С. Бейшова // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. – 2018. – № 1. – С. 48–53.
8. Белоусов, А.А. Этапы развития гистологических методов по оценке качества мясных продуктов / А.А. Белоусов, С.И. Хвыля // Мясная индустрия. – 2009. – № 4. – С. 22–24.

9. Белоусов, А.А. Микроструктурный анализ качества и состава мясного сырья и мясопродуктов / А.А. Белоусов, С.И. Хвыля // Мясные технологии. – 2010. – № 5 (89). – С. 49–53.
10. Борисенко, Е.Я. Разведение сельскохозяйственных животных / Е.Я. Борисенко // Учебники и учебные пособия для высших сельскохозяйственных учебных заведений. – М.: Колос, 1967. – 464 с.
11. Борисова, Н.В. Оценка мясной продуктивности крупного рогатого скота / Н.В. Борисова, М.Ф. Кобцева, Н.Б. Захарова. Новосибирск, 2001. – 156 с.
12. Будаева, А.Б. Гистологическое строение длиннейшей мышцы спины бычков черно-пестрой и казахской белоголовой пород / А.Б. Будаева, Ю.А. Козуб, Н.И. Рядинская, М.А. Табакова // Вестник ИрГСХА. – 2019. – № 90. – С. 139–149.
13. Гамарник, Н.Г. Рекомендации по созданию высокопродуктивных стад крупного рогатого скота герефордской породы / Н.Г. Гамарник, В.Ф. Петров, А.И. Рыков, Г.И. Рагимов. – М., 1990. – 74 с.
14. Гамарник, Н.Г. Герефордский скот сибирской селекции / Н.Г. Гамарник, О.М. Шевелева, А.С. Дуров. – Новосибирск, 2012 – 309 с.
15. Герасимов, Н.П. Основные принципы селекционно-племенной работы с казахской белоголовой породой / Н.П. Герасимов, Ш.А. Макаев // Вестник мясного скотоводства. – 2012. – № 2 (76). – С. 49–57.
16. Глазко, Т.Т. ДНК-технологии для повышения мясной продуктивности / Т.Т. Глазко, А.Б. Комаров, Е.В. Борзаковская // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2008. – № 1. – С. 75–80.
17. Гонтюрев, В.А. Состояние и дальнейшее совершенствование казахской белоголовой породы крупного рогатого скота в племенных хозяйствах Восточного Оренбуржья / В.А. Гонтюрев, Ш.А. Макаев // Вестник мясного скотоводства. – 2013. – № 2 (80). – С. 21–24.
18. Гонтюрев, В.А. Результаты оценки быков-производителей казахской белоголовой породы и испытание их потомков по собственной продуктивности

/ В.А. Гонтюрев, Ш.А. Макаев, А.П. Искандерова, Е.А. Капица // Вестник мясного скотоводства. – 2013. – № 1 (79). – С. 33–37.

19. Гонтюрев, В.А. Племенная и генетическая характеристика стада казахской белоголовой породы / В.А. Гонтюрев, А.П. Искандерова, П.И. Христиановский, А.М. Белоусов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – № 6 (80). – С. 273–276.

20. Горбатов, В. Физико-химические и биохимические основы технологии мяса и мясопродуктов (справочник) / В.М. Горбатов. – М.: Пищевая промышленность, 1973. – 71 с.

21. Горлов, И.Ф. Полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота России / И.Ф. Горлов, А.А. Федюнин, Д.А. Ранделин, Г.Е. Сулимова // Генетика. – Т. 50. – № 12. – 2014. – С. 1448–1454.

22. Горлов, И.Ф. Новые подходы к производству говядины на основе современных биоинженерных технологий / И.Ф. Горлов, В.И. Левахин, Д.А. Ранделин, А.К. Натыров, Б.К. Болаев, О.А. Суторма / Гл. ред. И.Ф. Горлов // Элиста: Калмыцкий государственный университет, 2015. – 198 с.

23. ГОСТ 19496-2013. Мясо и мясные продукты. Метод гистологического исследования. – М.: Стандартинформ, 2014. – 10 с.

24. ГОСТ 23042-2015. Мясо и мясные продукты. Методы определения жира. – М.: Стандартинформ, 2016. – 9 с.

25. ГОСТ 25011-2017. Мясо и мясные продукты. Методы определения белка. – М.: Стандартинформ, 2018. – 14 с.

26. ГОСТ 9793-2016. Мясо и мясные продукты. Методы определения влаги. – М.: Стандартинформ, 2018. – 6 с.

27. Государственная программа развития сельского хозяйства и регулирования рынков сельскохозяйственной продукции, сырья и продовольствия на 2013–2020 гг. (утв. постановлением Правительства РФ и МСХ РФ от 14.07.2012 № 717). [Электронный ресурс] <http://www.mcsx.ru>.

28. Грибова, Е. Проблемы воспроизводства стада импортного скота / Е. Грибова // Главный зоотехник. – 2008. – №10. – С. 13–14.

29. Грига, О.Э. Гематологические, биохимические и иммунологические исследования крови коров для определения значения активного моциона в профилактике их акушерско-гинекологических болезней / О.Э. Грига, Е.А. Киц, Э.Н. Грига, С.Е. Боженков // Сб. науч. тр. Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. – 2013. – Т. 2. – № 6. – С. 211–216.

30. Грязнева, Т.Н. Развитие мясного скотоводства в РФ с использованием генетического материала бельгийской бело-голубой породы крупного рогатого скота / Т.Н. Грязнева, С.М. Борунова, А.В. Быканов, О.Н. Дегтярева, П.А. Игumenцев // Farm News. – 2018. – № 2. – С. 45–50.

31. Джуламанов, К.М. Генетическая характеристика основных мясных пород крупного рогатого скота / К.М. Джуламанов, Ш.А. Макаев, М.П. Дубовскова, Л.Г. Сурундаева // Вестник РАСХН. – 2010. – № 6. – С. 70–73.

32. Джуламанов, К.М. Показатели убоя бычков с учетом подбора родителей по генам-маркерам мясной продуктивности / К.М. Джуламанов, М.П. Дубовскова, А.М. Ворожейкин, Н.П. Герасимов, В.И. Колпаков // Вестник мясного скотоводства. – 2016. – № 2(94). – С. 26–32.

33. Дмитрик, И.И. Способ гистологической оценки качественных показателей мясной продуктивности овец с учетом морфоструктуры тканей (методические указания) / И.И. Дмитрик, Г.В. Завгородняя, М.И. Павлова // Ставрополь, 2010. – 15 с.

34. Дмитрик, И.И. Мясные качества молодняка герефордской породы / И.И. Дмитрик, С.А. Христенко // Сб. науч. тр. Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. – 2011. – Т. 1. – № 4(1). – С. 102–104.

35. Дмитрик, И.И. Микроструктурные показатели мяса при межпородном скрещивании и разном уровне кормления / И.И. Дмитрик, М.И. Селионова // Сб. науч. тр. Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2016. – Т. 2. – № 9. – С. 243–247.

36. Дмитрик, И.И. Корреляция между убойными и микроструктурными показателями мясной продуктивности овец / И.И. Дмитрик, М.И. Селионова, Г.В. Завгородняя // Главный зоотехник. – 2019. – № 8. – С. 39–47.

37. Дорошенко, В.Б. Хозяйственно-биологические особенности и качественные показатели мяса бычков казахской белоголовой породы разных генотипов: автореф. дис. ... канд. биол. наук / В.Б. Дорошенко. – Волгоград, 2015. – 23 с.

38. Доцев, А.В. Оценка современного состояния генофонда холмогорской и черно-пестрой пород крупного рогатого скота на основе полногеномного SNP-анализа / А.В. Доцев, А.А. Сермягин, А.В. Шахин, И.А. Паронян, К.В. Племяшов, Х. Рейер, К. Виммерс, Г. Брем, Н.А. Зиновьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – Т. 22. – № 6. – С. 742–747.

39. Дубовскова, М.П. Герефордская порода в России: современное состояние и перспективы развития / М.П. Дубовскова // Молочное и мясное скотоводство. – 2019. – № 3. – С. 23–27.

40. Дунин, И.М. Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации: реалии и перспективы / И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин, Р.К. Мещеров, В.П. Ходыков, В.К. Аджибеков, Е.Е. Тяпугин, А.В. Дюльдина // Молочное и мясное скотоводство. – 2020. – №2. – С. 2–7.

41. Заяс, Ю.Ф. Исследование изменений ультраструктуры мышечной ткани при ее мягчении воздействием упругих колебаний / Ю.Ф. Заяс, Н.Т. Смольский // Труды XXI Европейского конгресса работников НИИ мясной промышленности / Болгария. – 1970. – Вып. 2. – С. 1114–1124.

42. Зиновьева, Н.А. Применение ДНК-диагностики для анализа генов-кандидатов локусов количественных признаков сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева // Животноводство России – XXI век: сб. науч. тр. ВИЖ. – 2001. – Вып. 61. – С. 225–228.

43. Зиновьева, Н.А. Проблемы биотехнологий и селекции сельскохозяйственных животных / Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст // М.: ВГНИИ животноводства, 2006. – 342 с.

44. Зиновьева, Н.А. Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных. Аналитический обзор / Н.А. Зиновьева, В.А. Багиров, Е.А. Гладырь, О.Ю. Осадчая // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – Т. 51. – № 2. – С. 264–268.

45. Кайдулина, А.А. Гистологические исследования «мраморности» говядины, полученной от бычков казахской белоголовой породы при разных сроках убоя / А.А. Кайдулина, А.В. Ранделин // Новые подходы, принципы и механизмы повышения эффективности производства и переработки сельскохозяйственной продукции: Материалы Междунар. науч.-практ. конф. / ГНУ Поволжский НИИ производства и переработки мясомолочной продукции Россельхозакадемии, Волгоградский государственный технический университет, 2014. – С. 55–57.

46. Каюмов, Ф.Г. Генетические ресурсы скота казахской белоголовой породы в решении проблем развития мясного скотоводства / Ф.Г. Каюмов, Ш.А. Макаев // Эффективное животноводство. – 2010. – № 4. – С. 30.

47. Каюмов, Ф.Г. Продуктивность калмыцкого скота южно-уральского типа / Ф.Г. Каюмов, В.М. Габидулин, Л.А. Маевская, Л.Г. Сурундаева // Молочное и мясное скотоводство. – 2010. – № 4. – С. 11–13.

48. Каюмов, Ф.Г. Анализ полиморфизма генов CAPN1, GH и TG5 у помесного молодняка при скрещивании калмыцкого скота и красных ангусов / Ф.Г. Каюмов, И.М. Дунин, М.И. Селионова, Н.П. Герасимов, В.Э. Баринов, Р.Ф. Третьякова // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – Т. 101. – № 4. – С. 28–34.

49. Каюмов, Ф.Г. Казахская белоголовая / Каюмов Ф.Г. // Молочное и мясное скотоводство. – 2020. – № 2. – С. 11.

50. Ковалюк, Н. Использование генетических маркёров в селекционно-племенной работе / Н. Ковалюк, А. Ковалюк, Е. Чурилова, М. Масленников, Д. Сивогринов // Молочное и мясное скотоводство. – 2004. – № 8. – С. 20–24.

51. Ковалюк, Н.В. Генетические аспекты проблем в стаде крупного рогатого скота / Н.В.Ковалюк, Е.В.Мачульская, В.Ф. Сацук // Эффективное животноводство. – 2018. – № 1 (140). – С. 40-41.

52. Козлов, М.В. Влияние характеристик липидов на функционирование физико-химической системы регуляции перекисного окисления липидов: автореф. дис. ... канд. биол. наук / М.В. Козлов. – Москва, 2007. – 24 с.

53. Кононова, Л.В. Полиморфизм генетических маркеров CAPN1 и GH у быков-производителей мясных пород / Л.В. Кононова, Г.Н. Шарко, Т.Н. Михайленко // Известия Горского государственного аграрного университета. – 2018. – Т. 55. – № 1. – С. 49–57.

54. Королев, В.Л. Научно-практическое обоснование повышения эффективности использования генетического потенциала скота казахской белоголовой породы: автореф. дис. ... д-ра с.-х. наук / В.Л. Королев. – Волгоград, 2010. – 49 с.

55. Костылева, О.Ф. Стандарты качества ЕЭК ООН в странах СНГ / О.Ф. Костылева // Стандарты и качество. – 2011. – № 1. – С. 48–50.

56. Кочетков, А.А. Необходимость развития мясного скотоводства в России / А.А. Кочетков, В.И. Шаркаев, Г.А. Шаркаева // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – № 4. – С. 2–5.

57. Кудинов, А.А. Применение метода BLUP Animal Model для оценки племенной ценности коров айрширской породы Ленинградской области / А.А. Кудинов, А.В. Петрова, К.В. Племяшов // Генетика и разведение животных. – 2017. – № 2. – С. 79–85.

58. Кузнецов, В.М. Племенная оценка животных: прошлое, настоящее, будущее (обзор) // Проблемы биологии продуктивных животных. – 2012. – № 4. – С. 18–57.

59. Ларионова, П.В. Разработка и экспериментальная апробация систем анализа полиморфизма генов-кандидатов липидного обмена у крупного рогатого скота: автореф. дис... канд. биол. наук / П.В. Ларионова. – Дубровицы, 2006. – 36 с.

60. Лисицын, А.Б. Микроструктура мяса и мясных продуктов / А.Б. Лисицын, В.А. Пчелкина, М.А. Никитина, И.М. Чернуха, С.И. Хвыля // Свидетельство о регистрации базы данных RU 2020620238, 10.02.2020. Заявка № 2020620002 от 13.01.2020.



61. Лысенко, Н.Г. Ассоциация генов кальпаин-кальпастатиновой системы и параметров экстерьера животных абердин-ангусской породы / Н.Г. Лысенко, А.И. Колесник, И.В. Горайчук, С.Ю. Рубан, А.М. Федота // Факторы экспериментальной эволюции организмов. – 2016. – № 18. – С. 111–116.

62. Людинина, А.Ю. Определение кислот трикарбонового цикла в плазме крови человека методом газожидкостной хроматографии / А.Ю. Людинина, Т.И. Кочан, Е.Р. Бойко // Клиническая лабораторная диагностика. – 2006. – № 11. – С. 13–15.

63. Макаев, Ш.А. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы / Ш.А. Макаев // Уральские нивы. – 1971. – № 10. – С. 37.

64. Макаев, Ш.А. Опыт прилития крови герефордов к казахской белоголовой породе / Ш.А. Макаев // Животноводство России. – 1974. – № 7. – С. 26–32.

65. Макаев, Ш.А. Итоги совершенствования казахского белоголового скота в Оренбургской области / Ш.А. Макаев, В.А. Гонтюрев, Р.П. Герасимов // Вестник мясного скотоводства. – 2012. – № 1 (75). – С. 7–10.

66. Макаев, Ш.А. Роль генотипов в совершенствовании стада / Ш.А. Макаев // Разработка и освоение инноваций в животноводстве материалы: сб. науч. тр. по материалам Международной научно-практической конференции / СтГАУ. – Ставрополь, 2013. – С. 8–10.

67. Макаев, Ш.А. Генетическая характеристика казахского белоголового скота / Ш.А. Макаев, Р.Ш. Тайгузин, О.А. Ляпин, А.В. Фомин // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2019. – № 6(80). – С. 281–285.

68. Мачульская, Е.В. Сравнительный анализ полиморфизма локусов *BOLA*, *DRB3* и *LEP* в айрширских и голштинизированных стадах / Е.В. Мачульская, Н.В. Ковалюк, А.Е. Волченко, Ю.Ю. Шахназарова, В.Ф. Сацук // Сб. науч. тр. Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2015. – Т. 4. – № 1. – С. 4–9.

69. Мачульская, Е.В. Аллельный полиморфизм гена CAPN1 мясного скота / Е.В. Мачульская, Л.Н. Чижова, Л.В. Кононова, Г.Н. Шарко, С.В. Семенов // Сб. науч. тр. Северо-Кавказского научно-исследовательского института животноводства. – 2017. – Т. 6. – № 1. – С. 88–92.

70. Методические указания по применению унифицированных биохимических методов исследований крови, мочи и молока в ветеринарных лабораториях / МСХ СССР, Гл. управление ветеринарии, ВАСХНИЛ, Отделение ветеринарии / Подготовлены В.Т. Самохиным и др. – М.: ВАСХНИЛ, 1981. – 85 с.

71. Методы ветеринарной клинической лабораторной диагностики: Справочник. / Под ред. И.П. Кондрахина. – М.: КолосС, 2004. – 520 с.

72. Минаев, М.Ю. Влияние генных маркеров на мясную продуктивность специализированных пород крупного рогатого скота / М.Ю. Минаев // Мясные технологии. – 2009. – № 1 (73). – С. 53–56.

73. Министерство сельского хозяйства Ставропольского края. Официальный сайт. [Электронный ресурс] <http://www.mshsk.ru/>

74. Мираторг – агропромышленный холдинг. 2019. [Электронный ресурс] <https://miratorg.ru/about/>

75. Мирошников, С.А. Ведение линий казахского белоголового скота / С.А. Мирошников, Ш.А. Макаев, В.Н. Фомин // Молочное и мясное скотоводство. – 2012. – № 1. – С. 4–6.

76. Мирошников, С.А. Отбор генотипов с желательными параметрами продуктивности казахского белоголового скота / С.А. Мирошников, Ш.А. Макаев // Вестник мясного скотоводства. – 2012. – № 4 (78). – С. 13–20.

77. Мирошников, С.А. Оценка взаимосвязи полиморфизма гена CAPN1 с гематологическими показателями и характеристикой неспецифического иммунитета крупного рогатого скота / С.А. Мирошников, Д.Б. Косян, Л.Г. Сурундаева, Е.А. Русакова // Современные проблемы науки и образования. – 2017. – № 6. – С. 258–262.

78. Мысик, А.Т. Состояние животноводства и инновационные пути его развития / А.Т. Мысик // Зоотехния. – 2017. – № 1. – С. 2–9.

79. Насамбаев, Е.Г. Влияние молочности коров казахской белоголовой породы на повышение продуктивности молодняка / Е.Г. Насамбаев, Н.М. Губашев // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2007. – №3 (15). – С. 135–138.

80. Ольховская, Л.В. Биохимический полиморфизм в селекции коз / Л.В. Ольховская, В.В. Абонеев // Ставрополь: РАСХН ГНУ СНИИЖК, 2007. – 189 с.

81. Перчун, А.В. Анализ полиморфизма генов bGH, RORC и SCD у крупного рогатого скота костромской породы с учетом кровности по швицкой породе / А.В. Перчун, И.В. Лазебная, С.Г. Белокуров, Г.Е. Сулимова // Молочное и мясное скотоводство. – 2013. – № 2. – С. 12–14.

82. Перчун, А.В. Полиморфизм генов, ответственных за показатели молочной и мясной продуктивности у животных костромской породы в связи с генеалогической принадлежностью / А.В. Перчун, С.Г. Белокуров, О.С. Егоров, И.И. Кузьменков, Г.Е. Сулимова // Труды Костромской государственной сельскохозяйственной академии. – Каравеево, 2014. – С. 66–73.

83. Плахтюкова, В.Р. Мясная продуктивность и методы ее определения / В.Р. Плахтюкова, И.И. Дмитрик // Сб. науч. тр.: Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2017. – Т. 1. – № 10. – С. 246–252.

84. Племяшов, К.В. Геномная селекция – будущее животноводства / К.В. Племяшов // Животноводство России. – 2014. – № 5. – С. 2–4.

85. Родионов, Г.В. Скотоводство (учебное пособие) // Г.В. Родионов, Ю.С. Изилов, С.Н. Харитонов, Л.П. Табакова. – М.: КолосС, 2007. – 405 с.

86. Селионова, М.И. Система комплексной оценки генетического потенциала племенных животных (методические рекомендации) / М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, А.К. Михайленко // Ставрополь: ГНУ СНИИЖК Россельхозакадемии, 2015. – 50 с.

87. Селионова, М.И. Дмитриевский – новый тип герефордов Ставрополя / М.И. Селионова, М.П. Дубовскова, С.А. Христенко, Л.Г. Душка, Д.П. Яровой // Молочное и мясное скотоводство. – 2016. – № 3. – С. 14–16.

88. Селионова, М.И. Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков-производителей мясных пород / М.И. Селионова, Л.Н. Чинова, М.П. Дубовскова, Е.С. Суржикова, Л.В. Кононова, Г.Н. Шарко // Вестник мясного скотоводства. – 2017. – № 2 (98). – С. 65–72.

89. Селионова, М.И. Создание нового заводского типа мясного крупного рогатого скота «Дмитриевский» / М.И. Селионова, М.П. Дубовскова // Вестник российской сельскохозяйственной науки. – 2017. – № 2. – С. 56–59.

90. Селионова, М.И. Перспективные генетические маркёры крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чинова, Г.Т. Бобрышова, Е.С. Суржикова, А.К. Михайленко // Вестник АПК Ставрополя. – 2018. – № 3 (31). – С. 44–51.

91. Селионова, М.И. Полиморфизм генов мясной продуктивности в селекции крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чинова, Е.С. Суржикова // Цифровые технологии в сельском хозяйстве: текущее состояние и перспективы развития / Сб. науч. тр. по материалам I Международной научно-практической конференции. – Ставрополь, 2018. – С. 223–229.

92. Селионова, М.И. Оценка селекционной перспективности молодняка казахской белоголовой породы на основе генетических маркеров и биохимических тест-систем / М.И. Селионова, Л.Н. Чинова, Е.С. Суржикова, Г.Н. Шарко, В.Р. Плахтюкова // Современные достижения и проблемы генетики и биотехнологии в животноводстве: материалы Междунар. науч. конф., посвященной 90-летию академика Л.К. Эрнста (ВИЖ). – Дубровицы, 2019. – С. 176–181.

93. Селионова, М.И. Полиморфизм генов мясной продуктивности у крупного рогатого скота, их связь с продуктивными показателями и методы контроля качества мясной продукции (обзорная статья) / М.И. Селионова, В.Р. Плахтюкова // Новости науки в АПК. – 2019. – № 3 (12). – С. 130–136.

94. Селионова, М.И. Анализ полиморфизма генов CAPN1 и GH у скота казахской белоголовой породы в связи с особенностями мясной продуктивности / М.И. Селионова, В.Р. Плахтюкова, И.И. Дмитрик, Г.В. Завгородняя М.И. Павлова // Главный зоотехник. – 2020. – № 6. – С. 27–34.

95. Селионова, М.И. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам *CAPN1* и *GH* / М.И. Селионова, В.Р. Плахтюкова // Молочное и мясное скотоводство. – 2020. – № 4. – С. 9–13.

96. Скалинский, Е.И. Микроструктура мяса / Е.И. Скалинский, А.А. Белоусов // М.: Пищевая промышленность, 1978. – 403 с.

97. Смагулов, А.К. Система оценки качества говядины в соответствии с международным стандартом ЕЭК ООН / А.К. Смагулов, Г.Т. Ораз // Новости науки Казахстана. – 2018. – № 3 (137). – С. 158–163.

98. Смарагдов, М.Г. Методы молекулярных маркеров в селекции хозяйственно ценных признаков у крупного рогатого скота (обзор) / М.Г. Смарагдов // Сельскохозяйственная биология. – 2005. – Т. 40. – № 6. – С. 3–8.

99. Смирнова, М.Ф. Особенности роста и развития молодняка герефордской породы в разных регионах России / М.Ф. Смирнова, С.Л. Сафонов, А.М. Суловев, Н.В. Фомина // Молочное и мясное скотоводство. – 2015. – № 8. – С. 23–26.

100. Соколов, А. Физико-химические и биохимические основы технологии мясопродуктов / А. Соколов. – М.: Пищевая промышленность, 1965. – С. 96–131.

101. Солошенко, В.А. О возможности использования генетических маркеров в селекции мясного скота для повышения качественных показателей мяса / В.А. Солошенко, Г.М. Гончаренко, А.А. Дворяткин, В.А. Плешаков // Вестник мясного скотоводства. – 2013. – № 1 (79). – С. 37–41.

102. Сонич, Н.А. Показатели мясной продуктивности абердин-ангус × черно-пестрых быков в зависимости от генотипов по генам тиреоглобулина (*TG5*), кальпаина (*CAPN1*) и миостатина (*MSTN*) / Н.А. Сонич, О.А. Епишко, Л.А. Танана, В.В. Пешко, О.В. Вертинская // Сельское хозяйство – проблемы и перспективы: сб. науч. трудов. – Гродно, 2019. – С. 226–235.

103. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства (пер. с англ.). / ФАО, 2010. – М.: ВИЖ РАСХН, 2010. – 512 с. [Электронный ресурс] <http://www.fao.org/3/a1250r/a1250r17.pdf>

104. СПК колхоз «ГИГАНТ». [Электронный ресурс] <http://xn--80afaogjhvcb4c2a.xn--p1ai/>

105. Способ гистологической оценки мраморности мяса мелкого сельскохозяйственного скота / И.И. Дмитрик, Г.В. Завгородняя, Е.П. Берлова, М.И. Павлова, Ю.А. Беляева, Е.Г. Овчинникова, Ю.Д. Квитко, В.В. Марченко // Патент на изобретение RU 2439556 С1, 10.01.2012. – Заявка № 2010149027/15 от 30.11.2010.

106. Способ оценки мясных коров по молочности / Ш.А. Макаев, С.А. Мирошников, К.М. Джуламанов, Ф.Г. Каюмов, И.В. Щукина, Б.Г. Рогачёв, Л.Н. Павлов // Патент на изобретение RU 2545397 С1, 27.03.2015. заявка № 2014105162/10 от 12.02.2014.

107. Столповский, Ю.А. Концепция и принципы генетического мониторинга для сохранения IN SITU пород domesticiрованных животных // Сельскохозяйственная биология. – 2010. – № 6. – С. 3–8.

108. Столповский, Ю.А. Популяционно-генетические основы сохранения ресурсов генофондов domesticiрованных видов животных: автореф. дис. ... д-ра биол. наук / Ю.А. Столповский. – Москва, 2010. – 43 с.

109. Сурундаева, Л.Г. Использование ДНК-маркеров для выявления полиморфизма гена CAPN1 у скота мясных пород / Л.Г. Сурундаева, Л.А. Маевская, Д.Б. Косян // Вестник мясного скотоводства. – 2012. – № 4 (78). – С. 41–45.

110. Сурундаева, Л.Г. Анализ ассоциаций разных генотипов молодняка каргалинского мясного типа крупного рогатого скота по гену гормона кальпаина с мясной продуктивностью / Л.Г. Сурундаева, Л.А. Маевская // Вестник мясного скотоводства. – 2015. – № 4 (92). – С. 12–15.

111. Сурундаева, Л.Г. Мясная продуктивность молодняка каргалинского мясного типа крупного рогатого скота в зависимости от генотипа по гену CAPN1 / Л.Г. Сурундаева, Л.А. Маевская // Вестник мясного скотоводства. – 2015. – № 4 (92). – С. 154–159.

112. Сурундаева, Л.Г. Органолептические и структурно-механические качества охлажденной и вареной говядины у животных разных генотипов / Л.Г. Сурундаева // Вестник мясного скотоводства. – 2015. – №4(92). – С. 99–104.

113. Сурундаева, Л.Г. Особенности гистоморфологических признаков длиннейшей мышцы спины бычков внутривидового типа «Айта» калмыцкой породы при наличии мутации по гену CAPN1 / Л.Г. Сурундаева, Д.Б. Косян, О.Ю. Сипайлова, Л.А. Маевская, А.М. Сурундаева // Вестник мясного скотоводства. – 2017. – № 4 (100). – С. 40–47.

114. Танана, Л.А. Убойные и качественные показатели мяса герефордских бычков в зависимости от аллельного полиморфизма гена Pit-1 / Л.А. Танана, О.В. Вертинская, К.О. Кизилевич, Д.И. Матюкевич, Е.Я. Лебедько // Научная мысль. – 2020. – № 39-1. – С. 3–7.

115. Терентьева, А.С. Мясное скотоводство в США: современное состояние, проблемы и перспективы // Россия и Америка в XXI веке. – 2018. – № 4. – С. 6.

116. Фатьянов, Е.В. К вопросу анализа общего химического состава мясного сырья / Е.В. Фатьянов, С.А. Сидоров // Вестник мясного скотоводства. – 2015. – №3(91). – С.75–78.

117. Федин, Г.И. Методические подходы к оценке качества селекционной работы / Г.И. Федин, А.А. Заболотная, П.В. Ларионова, А.И. Рудь // Вестник КрасГАУ. – 2012. – № 6 (69). – С. 113–116.

118. Фириченков, В.В. Морфология мышечной ткани крупного рогатого скота различного направления продуктивности: автореф. дис. ... канд. биол. наук / В.В. Фириченков. – Уфа, 2009. – 20 с.

119. Фролов, А.Н. Влияние генотипа бычков на качество жира и его жирнокислотный состав / А.Н. Фролов, О.А. Завьялов, А.В. Харламов, А.М. Мирошников // Достижения науки и техники АПК. – 2015. – № 2. – С. 43–45.

120. Хаамируев, Т.Н. Галловейская порода и ее помеси в условиях Забайкальского края / Т.Н. Хаамируев // Вестник мясного скотоводства. – 2011. – Т. 3. – № 64. – С. 19–23.

121. Харзинова, В.Р. Изучение генотипов ДНК-маркеров GH, DGAT1 и TG5 в связи с линейной принадлежностью и уровнем молочной продуктивности коров черно-пестрой породы: автореф. дис...канд. биол. наук / В.Р. Харзинова. – Дубровицы, 2011. – 38 с.

122. Хвыля, С.И. Стандартизованные гистологические методы оценки качества мяса и мясных продуктов / С.И. Хвыля, В.А. Пчелкина, С.С. Бурлакова // Всё о мясе. – 2011. – № 6. – С. 32–35.

123. Хвыля, С.И. Применение гистологического анализа при исследовании мясного сырья и готовых продуктов / С.И. Хвыля, В.А. Пчелкина, С.С. Бурлакова // Техника и технология пищевых производств. – 2012. – Т. 3. – № 26. – С. 132–138.

124. Чижова, Л.Н. Методические рекомендации по применению методов ДНК-диагностики в селекции крупного рогатого скота / Л.Н. Чижова, М.И. Селионова, В.В. Абонеев, М.В. Егоров, Г.П. Ковалева, О.В. Семенюк, Д.Е. Белов // Ставрополь, 2005. – 56 с.

125. Чижова, Л.Н. Способ оценки, прогноза продуктивности сельскохозяйственных животных в раннем возрасте на основе биохимических тест-систем, генетических маркеров / Л.Н. Чижова, А.К. Михайленко, Л.В. Ольховская, С.Ф. Силкина, Н.Г. Марутянц, Е.Н. Барнаш, А.В. Скокова, С.В. Криворучко, Г.Н. Шарко. – Ставрополь: ГНУ СНИИЖК Россельхозакадемии, 2010. – 41 с.

126. Чижова, Л.Н. Генетические маркеры в мясном скотоводстве / Л.Н. Чижова, Г.Н. Шарко, А.К. Михайленко // Сб. науч. тр. ВНИИОК. – 2016. – № 9(2). – С. 258–264.

127. Чижова, Л.Н. Межпородные особенности полиморфизма генов соматотропин, пролактин у коров молочного направления продуктивности / Л.Н. Чижова, Е.С. Суржикова, Г.П. Ковалева, Т.Н. Михайленко // Сб. науч. тр. ВНИИОК. – 2017. – №10. (2). – С. 108–113.

128. Шевелёва, О.М. Мясная продуктивность крупного рогатого скота французских мясных пород в условиях откормочной площадки / О.М. Шевелёва



ва, А.А. Бахарев // Современные научно-практические решения в АПК: сб. ст. Всероссийской науч.-практ. конф. – Тюмень, 2017. – С. 148–152.

129. Шевлюк, Н.Н. Сравнительная характеристика скелетных мышц бычков калмыцкой породы крупного рогатого скота / Н.Н. Шевлюк, Ф.Г. Каюмов, Л.Г. Сурундаева, К.М. Джуламанов, С.Д. Тюлебаев // Морфология. – Т. 149. – № 2. – 2016. – С. 32–35.

130. Шевхужев, А.Ф. Мясное скотоводство и производство говядины (учебное пособие) / А.Ф. Шевхужев, Г.П. Легошин // Ставрополь: Сервисшкола, 2006. – 432 с.

131. Шевхужев, А.Ф. Использование потенциала мясной продуктивности крупного рогатого скота импортных пород в условиях Северного Кавказа (методические положения) / А.Ф. Шевхужев, Д.Р. Смакуев. – Ставрополь: Сервисшкола, 2015. – 46 с.

132. Шевхужев, А.Ф. Реализация генетического потенциала молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота импортных пород в предгорной зоне Северного Кавказа (монография) / А.Ф. Шевхужев, Д.Р. Смакуев. – М.: Илекса, 2015. – 492 с.

133. Шляхтунов, В.И. Особенности формирования и этноповышения мясной продуктивности молодняка разных пород крупного рогатого скота: автореф. дис. ... д-ра с.-х. наук / В.И. Шляхтунов. – Минск. 1984. – 36 с.

134. Шурыгин, М.Г. Миосателлиты как источник регенерации мышечной ткани / М.Г. Шурыгин, А.В. Болбат, И.А. Шурыгина // Фундаментальные исследования. – 2015. – № 1 (ч. 8). – С. 1741–1746.

135. Щукин, И.В. Научное обоснование и практическая реализация инновационных технологий производства говядины на Юге России: автореф. дис. ... д-ра с.-х. наук / И.В. Щукин. – Курган, 2016. – 42 с.

136. Экспертно-аналитический центр агробизнеса «АБ-Центр». [Электронный ресурс] [www.ab-centre.ru](http://www.ab-centre.ru).

137. Ajmone-Marsan, P. Genetic distances within and across cattle breeds as indicated by biallelic AFLP markers / P. Ajmone-Marsan, R. Negrini, E. Milanese, R. Bozzi, I.J. Nijman, J.B. Buntjer, A. Valentini, J.A. Lenstra, // *Animal Genetics*. – 2002. – Vol. 33. – P. 280–286.

138. Akey, J.M. Interrogating a high-density SNP map for signatures of natural selection / J.M. Akey, G. Zhang, K. Zhang, L. Jin, M.D. Shriver // *Genome Research*. – 2002. – Vol. 12(12). – P.1805–1814.

139. Allais, S. Effects of polymorphisms in the calpastatin and mu-calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds / S. Allais, L. Journaux, H. Leveziel, N. Payet-Duprat, P. Raynaud, J. F. Hocquette, J. Lepetit, S. Rousset, C. Denoyelle, C. Bernard-Capel, G. Renand // *J. Anim Sci.* – Vol. 89. – №1. – 2011. – P. 1–11.

140. Andersson, L. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. Nature reviews / L. Andersson // *Genetics*. –2001. – № 2(2). – P. 130–138.

141. Aravin, A. Identification and characterization of small RNAs involved in RNA silencing / A. Aravin, T. Tuschl // *Febs Letters*. – 2005. – Vol. 579(26). – P. 5830–5840.

142. Ardiyanti, A. Effects of GH gene polymorphism and sex on carcass traits and fatty acid compositions in Japanese Black cattle / A. Ardiyanti, Y. Oki, Y. Suda, Y. Suzuki, Y. Chikuni, Y. Obara, K. Katoh // *Animal Science Journal*. – 2009. – Vol. 80 – № 1. – P. 62–69.

143. Arthur, P. Double muscling in cattle: a review / P. Arthur // *Aust. J. Agric. Res. Csiro publishing*. – 1995. – Vol. 46. – № 8. – P. 1493–1505.

144. Authentic Wague bears the «Universal Wague Mark». Wague – Japanese Beef. – Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries of Japan, 2010. [Электронный ресурс] <https://www.maff.go.jp/e/policies/standard/jas/jas/>

145. Barendse, W. Genetic map of DNA loci on bovine chromosome 1 / W. Barendse, S.M. Armitage, A.M. Ryan, S.S. Moore, D. Clayton, M. Georges, J.E. Womack, J. Hetzel // *Genomics*. – 1997. – Vol. 18. – P. 602–608.

146. Barendse, W. The leptin C73T missense mutation is not associated with marbling and fatness traits in a large gene mapping experiment in Australian cattle /

W. Barendse, R.J. Bunch, B.E. Harrison // *Animal Genetics*. – 1999. – Vol. 36. – P. 86–88.

147. Barendse, W. The effect of genetic variation of the retinoic acid receptor-related orphan receptor C gene on fatness in cattle / W. Barendse, R.J. Bunch, J.W. Kijas, M.B. Thomas // *Genetics*. – 2007. – № 175 (2). – P. 843 – 853.

148. Baroke, S. Japanese Wagyu Beef – Too Authentic. *Global Meat News* (8 August 2014). [Электронный ресурс] [https://en.wikipedia.org/wiki/Kobe\\_beef](https://en.wikipedia.org/wiki/Kobe_beef).

149. Baumung, R. Genetic diversity studies in farm animals – a survey / R. Baumung, H. Simianer, I. Hoffmann // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2004. – Vol. 121. – P.361–373.

150. Beaumont, M.A. Identifying adaptive genetic divergence among populations from genome scans / M.A. Beaumont, D.J. Balding // *Molecular Ecology*. – 2004. – Vol. 13(4). – P. 969–980.

151. Beja-Pereira, A. Genetic characterization of southwestern European bovine breeds: a historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites / A. Beja-Pereira, P. Alexandrino, I. Bessa, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferrand, J. Jordana, D. Laloe, K. Moazami-Goudarzi, A. Sanchez, J. Canon // *Journal of Heredity*. – 2003. – Vol. 94. – P. 243–250.

152. Bellinge, R.H. Myostatin and its implications on animal breeding: a review / R.H. Bellinge, D.A. Liberles, S.P. Iaschi, P.A. O'Brien, G.K. Tay // *Anim. Genet*. – 2005. – Vol. 36. – № 1. – P. 1–6.

153. Bem, R. Microscopy of meat and raw materials of animal origin / R. Bem, V. Pleva // *Food Industry*. –1964.

154. Bennett, G.L. Enhanced estimates of carcass and meat quality effects for polymorphisms in myostatin and  $\mu$ -calpain genes / G.L. Bennett, R.G. Tait Jr, S.D. Shackelford, T.L. Wheeler, D.A. King, E. Casas, T.P.L. Smith // *Anim. Sci*. – 2019. – Vol. 1. – № 97(2). – P. 569–577.

155. Bhuiyan, M.S.A. Identification of SNPs in MYOD gene family and their associations with carcass traits in cattle / M.S.A. Bhuiyan, N.K. Kim, Y.M. Cho, D.Yoon et al. // *Livestock Science*. – 2009. – V. 126. – № 3. – P. 292–297.

156. Bolormaa, S. Non-additive genetic variation in growth, carcass and fertility traits of beef cattle / S. Bolormaa, J.E. Pryce, Y. Zhang, A. Reverter, W. Barendse, B.J. Hayes, M.E. Goddard // *Genetics Selection Evolution*. – 2015. – Vol. 47.

157. Bolormaa, S. Detailed phenotyping identifies genes with pleiotropic effects on body composition / S. Bolormaa, B.J. Hayes, J.H. Van der Werf, D. Pethick, M.E. Goddard, H.D. Daetwyler // *BMC Genomics*. – 2016. – Vol. 17. – Article № 224.

158. Bonilla, C.A. Association of CAPN1 316, CAPN1 4751 and TG5 markers with bovine meat quality traits in Mexico / C.A. Bonilla, M.S. Rubio, A.M. Sifuentes, G.M. Parra-Bracamonte, V.W. Arellano, M.R. Mendez, J.M. Berruecos, R. Ortiz // *Genet. Mol. Res.* – Vol. 9. – № 4. – 2010. – P. 2395–2405.

159. Bonnet, M. Mammary leptin synthesis, milk leptin and their putative physiological roles. / M. Bonnet, C. Delavaud, K. Laud et al. // *Reprod. Nutr. Dev.* – 2002. – Vol. 42. – P. 399–413.

160. Bruford, M.W. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication / M.W. Bruford, D.G. Bradley, G. Luikart // *Nature Reviews Genetics*. – 2003. – Vol. 4. – P. 900–910.

161. Buntjer, J.B. Phylogeny of bovine species based on AFLP fingerprinting / J.B. Buntjer, M. Otsen, I.J. Nijman, M.T. Kuiper, J.A. Lenstra // *Heredity*. – 2002. – Vol. 88. – P. 46–51.

162. Campbell, D. Generic scan using AFLP markers as a means to assess the role of directional selection in the divergence of sympatric whitefish ecotypes / D. Campbell, L. Bernatchez // *Molecular Biology and Evolution*. – 2004. – Vol. 21 (5). – P. 945–956.

163. Chmiel, M. Application of video image analysis in meat technology / M. Chmiel, M. Slowinski // *Medycyna Weterynaryjna*. – 2013. – № 11 (69). – P. 670–673.

164. Chung, H.Y. A DNA polymorphism of the bovine calpastatin gene detected by SSCP analysis / H.Y. Chung, M.E. Davis, H.C. Hines // *Anim. Genet.* – 1999. – Vol. 30. – № 1. – P. 80–81.

165. Chung, H.Y. Effects of genetic variants for the calpastatin gene on calpastatin activity and meat tenderness in Hanwoo (Korean cattle) / H. Chung, M. Davis // *Meat science*. – 2012. – Vol. 90. – № 3. – P. 711–714.
166. Ciepłoch, A. Genetic disorders in beef cattle: a review / A. Ciepłoch et al. // *Genes Genomics*. – 2017. – Vol. 39. – № 5. – P. 461–471.
167. Corva, P.M. Association of CAPN1 and CAST gene polymorphisms with meat tenderness in *Bos taurus* beef cattle from Argentina / P.M. Corva, L. Soria, A. Schor, E. Villarreal, M.P. Cenci, M. Motter et al. // *Genet. Mol. Biol.* – 2007. – Vol. 30 – P. 1064–1069.
168. Davey, J.W. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing / J.W. Davey, P.A. Hohenlohe, P.D. Etter, J.Q. Boone et al. // *Nature Reviews Genetics*. – 2011. – V. 12. – № 7. – P. 499–510.
169. Dayton, V.P. Muscle tissue growth in beef cattle / V.P. Dayton, M.P. Hathaway // *34th International Congress on Science and Technology of the Meat Industry*. – M., 1989. – P. 21–31.
170. De, S. Detection of quantitative trait loci for marbling and backfat in Wagyu×Limousin F2 crosses using a candidate gene approach / S. De, M.D. MacNeil, X.L. Wu et al. // *Amer. Soc. Anim. Sci.* – 2004. – V. 55. – P. 95–98.
171. Dubovskova, M.P. Use of genetic markers of meat productivity in breeding of Hereford breed bulls / M.P. Dubovskova, M.I. Selionova, L.N. Chizhova, A.K. Mikhailenko, M.A. Dolgashova // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. – 2019. – Vol. 341(1). – Article 012052.
172. Elsik, C.G. Bovine Genome Database: new tools for gleaning function from the *Bos taurus* genome / C.G. Elsik, D.R. Unni, C.M. Diesh et al. // *Nucleic Acids Res.* – 2016. – Vol. 4. – Issue 44. – P. 834–839.
173. Evrony, G.D. Single-neuron sequencing analysis of 11 retrotransposition and somatic mutation in the human brain / G.D. Evrony, X. Cai, E. Lee et al. // *Cell*. – 2012. – V. 151. – № 3. – P. 483–496.
174. Freeman, A.R. Combination of multiple microsatellite data sets to investigate genetic diversity and admixture of domestic cattle / A.R. Freeman, D.G. Bradley, S. Nagda, J.P. Gibson, O. Hanotte // *Animal Genetics*. – 2006. – Vol. 37. – P. 1–9.

175. Georges, M. Mapping quantitative trait loci controlling milk production in dairy cattle by exploiting progeny testing / M. Georges, D. Nielsen, M. Mackinnon, A. Mishra, R. Okimoto, A.T. Pasquino, L.S. Sargeant, A. Sorensen, M.R. Steele, X. Zhao, J.E. Womack, L. Hoeschele // *Genetics*. – 1987. – Vol. 139. – P. 907–920.

176. Goddard, M.E. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes / M.E. Goddard, B.J. Hayes // *Nature Reviews Genetics*. – 2009. – № 10. – P. 381–391.

177. Gordon, D.F. Nucleotide sequence of bovine growth hormone chromosomal gene / D.F. Gordon, D.P. Quick, C.R. Erwin, J.E. Donelson and R.A. Maurer // *Mol. Cell. Endocrinol.* – 1983. – No. 33. – P. 81–95.

178. Grisart, B. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition / B. Grisart, W. Coppieters, F. Farnir, L. Karim, C. Ford, P. Berzi, N. Cambisano, M. Mni, S. Reid, P. Simon, R. Spelman, M. Georges, R. Snell // *Genome Research*. – 2002. – Vol. 12. – P. 222–231.

179. Grobet, L. Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double muscling in cattle / L. Grobet, L. Poncelet, J. Royo, B. Brouwers, D. Pirottin, C. Michaux, F. Ménéssier, M. Zanotti, S. Dunner, M. Georges // *Mammalian Genome*. – 1998. – Vol. 9. – № 3. – P. 210–213.

180. Hartatik, T. Short communication: The genotype of growth hormone gene that affects the birth weight and average daily gain in crossbred beef cattle / T. Hartatik, A. Fathoni, S. Bintara et al. // *Biodiversitas*. – 2020. – V. 21. – № 3. – P. 941–945.

181. Hayes, B.J. A novel multilocus measure of linkage disequilibrium to estimate past effective population size / B.J. Hayes, P.M. Visscher, H.C. McPartlan, M.E. Goddard // *Genome Research*. – 2003. – Vol. 13. – P. 635–643.

182. Hayes, B.J. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges / B.J. Hayes, P.J. Bowman, A.J. Chamberlain, M.E. Goddard // *J. Dairy Sci.* – 2009. – Vol. 92. – P. 433–443.

183. Hediger, R. Assignment of the growth hormone gene locus to 19q26-qter in cattle and to 11 q25-qter in sheep by in situ hybridization. / R. Hediger, S.E. John-

son, W. Barendse, R.D. Drinkwater, S.S. Moore and J. Hetzel // *Genomics*. – 1990. – Vol. 8. – P. 171–174.

184. Juszczuk-Kubiak, E. A novel RFLP/Alu I polymorphism of the bovine calpastatin (CAST) gene and its association with selected traits of beef / E. Juszczuk-Kubiak et al. // *Animal Science Papers and Reports*. – Vol. 22. – 2004. – P. 195–204.

185. Kadlecova, V. Association of bovine DGAT1 and leptin genes polymorphism with milk production traits and energy balance indicators in primiparous Holstein cows / V. Kadlecova, D. Nemeckova, K. Jecminkova, L. Stadnik // *Mljekarstvo*. – 2014. – Vol. 64 (1). – P. 19–26.

186. Kambadur, R. Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscled Belgian Blue and Piedmontese cattle / R. Kambadur, M. Sharma, T.P. Smith, J.J. Bass // *Genome Res*. – 1997. – Vol. 7. – № 9. – P. 910–916.

187. Kayumov, F.G. Environment and genotype effect on morphological and biochemical composition of blood in kalmyk cattle / F.G. Kayumov, N.P. Gerasimov, R.F. Tretyakova, I.I. Sleptsov, E.N. Ilina, L.G. Moiseikina // *Research Journal of Pharmaceutical. – Biological and Chemical Sciences*. – 2018. – Vol. 9. – No. 5. – P. 175–181.

188. Katoh, K. Interaction of GH polymorphism with body weight and endocrine functions in Japanese black calves / K. Katoh, S. Kouno, A. Okazaki et al. // *Domestic Animal Endocrinology*. – 2008. – Vol. 34. – P. 25-30.

189. Khasanah, H. Polymorphism of Myostatin (MSTN) Promoter Gene and its Association with Growth and Muscling Traits in Bali Cattle / H. Khasanah et al. // *Media Peternak*. – 2016. – Vol. 39. – № 2. – P. 95–103.

190. Kolganov, A.V. Influence of protein consumption level, its amino-acid structure and additives of some amino acids on lipid exchange of farm and laboratory animals / A.V. Kolganov, B.D. Kalnitsky, N.S.-A. Niyazov // *Problems of Biology of Productive Animals: Sci. Theoret. J*. – 2010. – Vol. 4. – P. 41–54.

191. Komisarek, J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in polish holstein-friesian cattle / J. Komisarek // *Animal Science Papers and Reports*. – 2010. – Vol. 28 (2). – P. 133–141.

192. Kono, S. Comparison of growth traits in different lines and GH genotypes of Japanese Black steers / S. Kono // *Proceedings of Japanese Society for Animal Nutrition and Metabolism*. – 2005. – Vol. 49. – № 1. – P. 17.

193. Koohmaraie, M. The role of Ca<sup>2+</sup>-dependent proteases (calpains) in post mortem proteolysis and meat tenderness / M. Koohmaraie // *Biochimie*. – 1992. – Vol. 74. – № 3. – P. 239–245.

194. Kuhn, C. Evidence for multiple alleles at the DGAT1 locus better explain a quantitative trait locus with major effect on milk fat content in cattle / C. Kuhn, G. Thaller, A. Winter et al. // *Genetics*. – 2004. – Vol. 167 (4). – P. 1873.

195. Lai, S.J. Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation / S.J. Lai, Y.P. Liu, Y.X. Liu, X.W. Li, Y.G. Yao // *Molecular Phylogenetics and Evolution*. – 2006. – Vol. 38. – P. 146–154.

196. Lan, L. Combined expression trait correlations and expression quantitative trait locus mapping / L. Lan, M. Chen, J.B. Flowers, B.S. Yandell, D.S. Stapleton, C.M. Mata, E. Ton-Keen Mui, M.T. Flowers, K.L. Schueler, K.F. Manly, R.W. Williams, C. Kendziorski, A.D. Attie // *PLoS Genetics*. – 2006. – Vol. 2. – P. 51–61.

197. Larson, B.A. Serum growth hormone and prolactin during and after the development of the obese-hyperglycemic syndrome in mice / B.A. Larson, Y.N. Sinha, W.P. Vanderlaan // *Endocrinology*. – 1976. – 98. – P. 139–145.

198. Leal-Gutiérrez, J.D. Association of  $\mu$ -calpain and calpastatin polymorphisms with meat tenderness in a Brahman–Angus population / J.D. Leal-Gutiérrez, M.A. Elzo, D.D. Johnson, T.L. Scheffler, J.M. Scheffler, R.G. Mateescu // *Front. Genet.* – 2018. – Vol. 9. – Article 56.

199. Lee J.H. Identification of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) of the Bovine Growth Hormone (bGH) Gene Associated with Growth and Carcass Traits in Hanwoo / J.H. Lee, Y.M. Lee, J.Y. Lee et al. // *Asian-Australas J. Anim. Sci.* – 2013. – Vol. 26(10). – P. 1359–1364.

200. Li, X. Association of polymorphisms at DGAT1, Leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef



cattle populations in Sweden / X. Li, M. Ekerljung, K. Lundström, A. Lundén // *Meat science*. – 2013. – Vol. 94. – № 2. – P. 153–158.

201. Liefers, S.C. Associations between leptin gene polymorphisms and production, live weight, energy balance, feed intake, and fertility in Holstein heifers / S.C. Liefers, M.F.W. te Pas, R.F. Veerkamp and T. van der Lende // *J. Dairy Sci.* – 2002. – Vol. 85. – P. 1633–1638.

202. Liefers, S.C. Leptin Concentrations in Relation to Energy Balance, Milk Yield, Intake, Live Weight, and Estrus in Dairy Cows / S.C. Liefers, R.F. Veerkamp, M.F.W. te Pas, C. Delavaud, Y. Chilliard, T. van der Lende // *Journal of Dairy Science*. – 2003. – V. 86(3). – P. 799–807.

203. Lin, B.Z. Genetic diversity of growth hormone receptor gene in cattle / B.Z. Lin, S. Sasazaki, J. H. Lee, H. Mannen // *Anim. Sci. J.* – 2009. – V. 80. – No. 5. – P. 528–531.

204. Lucy, M.C. Variants of somatotropin in cattle-gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production / M.C. Lucy, S.D. Hauser, P.J. Eppard, G.G. Krivi, J.H. Clark, D.E. Bauman, R.J. Collier // *Domest. Anim. Endocrinol.* – 1993. – № 10. – P. 325–333.

205. Luikart, G. The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing / G. Luikart, P.R. England, D. Tallmon, S. Jordan, P. Taberlet // *Nature Reviews Genetics*. – 2003. – Vol. 4. – P. 981–994.

206. Maj, A. Association of the polymorphism in the 5'-noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene with meat production traits in Polish Blackand-White cattle / A. Maj, J. Oprządek, E. Dymnicki, L. Zwierzchowski // *Meat Sci.* – 2006. – V. 72. – № 3. – P. 539–544.

207. McFadin, E.L. Leptin levels in peri-parturient ewes and their subsequent offspring / E.L. McFadin, C.D. Morrison, P.R. Buff, N.C. Whitley and D.H. Keisler // *J. Anim. Sci.* – 2002. – Vol. 80. – P. 738–743.

208. McPherron, A.C. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene / A.C. McPherron, S.J. Lee // *Proceedings of the National Academy of Science USA*. –1997. – Vol. 94. – P. 12457–12461.

209. Miquel, M.C. The association of CAPN1 316 marker genotype with growth and meat quality traits of steers finished on pasture / M.C. Miquel, E. Villarreal, C. Mezzadra, L. Melucci, L. Soria, P. Corva, A. Schor // *Genetics and Molecular Biology*. – 2009. – № 3(32). – P. 491–496.

210. Mohammadabadi, M.R. Analysis of bovine growth hormone gene polymorphism of local and Holstein cattle breeds in Kerman province of Iran using polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) / M.R. Mohammadabadi, A. Torabi, M. Tahmourespoor et al. / *African Journal of Biotechnology*. – 2010. – Vol. 9(41). – P. 6848–6852.

211. Negrini, R. Tuscany autochthonous cattle breeds: an original genetic resource investigated by AFLP markers / R. Negrini, E. Milanese, R. Bozzi, M. Pellicchia, P. Ajmone-Marsan // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2006. – Vol. 123. – P. 10–16.

212. Newman, P. B. The use of video image analysis for quantitative measurement of visible fat and lean in meat: Part 4 – application of image analysis measurement techniques to minced meats / P. B. Newman // *Meat Science*. – 1987. – № 19. – P. 139–150.

213. Oka, A. Effects of growth rate during the early fattening period on growth, carcass characteristics, and circulating hormones in the different growth hormone genotypes of Japanese Black steers / A. Oka, F. Iwaki, E. Iwamoto, K. Tatsuda // *Animal Science Journal*. – 2007. – Vol. 78. – P. 142–150.

214. Peakall, R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P.E. Smouse // *Bioinformatics*. – 2012. – № 28. – P. 2537–2539.

215. Pospiech, M. Microscopic methods in food analysis / M. Pospiech, Z. Rezacova-Lukaskova, B. Tremlova, Z. Randulova, P. Bartl // *Maso international*, Brno. – 2011. – Vol. 1. – P. 27–34.

216. Randulova, Z. Determination of soya protein in model meat products using image analysis / Z. Randulova, B. Tremlova, Z. Rezacova-Lukaskova, M. Pospiech, I. Straka // *Czech Journal of Food Sciences*. – 2011. – Vol. 29. – Is. 4. – P. 318–321.

217. Roh, S.-G. Control of adipogenesis in ruminants / S.-G. Roh, D. Hishikawa, Y.-H. Hong // *Animal Science Journal*. – 2006. – Vol. 77. – № 5. – P. 472–477.

218. Saatchi, M. Accuracies of direct genomic breeding values in Hereford beef cattle using national or international training populations / M. Saatchi, J. Ward, D.J. Garrick // *Journal of Animal Science*. – 2013. – Vol. 91(4). – P. 1538–1551.

219. Sasazaki, S. UTS2R gene polymorphisms are associated with fatty acid composition in Japanese beef cattle / S. Sasazaki, K. Akiyama, T. Narukami, H. Matsumoto, K. Oyama, H. Mannen. // *Animal Science Journal*. – 2014. – Vol. 85 (5). – P. 499–505.

220. Schenkel, F.S. Association of a single nucleotide polymorphism in the calpastatin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle / F.S. Schenkel, S.P. Miller, Z. Jiang, I.B. Mandell, X. Ye, H. Li, J.W. Wilton // *J. Anim. Sci.* – 2006. – 84, № 2. – P. 291–299.

221. Seabury, C.M. Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle / C.M. Seabury, D.L. Oldeschulte, M. Saatchi, J.E. Beever, J.E. Decker et al. // *BMC Genomics*. – 2017. – Vol. 18. – P. 386–396.

222. Sedykh, T.A. Effects of Polymorphism in TG5 and LEP Genes on Meat Productivity of Hereford and Limousin Bull Calves / T.A. Sedykh, R.S. Gizatullin, I.Yu. Dolmatova and L.A. Kalashnikova // *Russian Agricultural Sciences*. – 2016. – Vol. 42, No. 5. – P. 361–366.

223. Sedykh, T.A. Influence of TG5 and LEP gene polymorphism on quantitative and qualitative meat composition in beef calves / T.A. Sedykh, L.A. Kalashnikova, I.V. Gusev, I.Y. Pavlova, R.S. Gizatullin, I.Y. Dolmatova // *Iraqi Journal of Veterinary Sciences*. – 2016. – Vol. 30 (2). – P. 41–48.

224. Sedykh T.A. GH and DGAT1 gene polymorphism effect on beef production traits of Hereford and Limousine bull calves / T.A. Sedykh, E.A. Gladyr, R.S. Gizatullin, I.V. Gusev, I.Yu Dolmatova, L.A. Kalashnikova // *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. – 2017. – Vol.8 (1). – P. 1425-1435.

225. Selionova, M.I. Biochemical and histological indicators of blood and m. longissimus dorsi of young bulls of Kazakh white-headed breed of different geno-

types by the CAPN1 and GH genes / M.I. Selionova, V.R. Plakhtyukova // Theory and practice of meat processing. – 2020. – T. 5. – №2. – С. 20–25.

226. Selionova, M.I. Features of gene polymorphism of growth hormone (GH), calpain (CAPN1) of beef herd sire / M.I. Selionova, L.N. Chizhova, M.P. Dubovskova, E.S. Surzhikova, L.V. Kononova, G.N. Sharko // Bull. of Meat Cattle Breeding. – 2017. – Vol. 2. – P. 65–70.

227. Selionova, M.I. Fatty acid composition of blood lipids of young beef cattle of different genotypes of CAPN1, GH, TG5, LEP genes / M.I. Selionova, M.P. Dubovskova, L.N. Chizhova, A.K. Mikhailenko, E.S. Surzhikova, V.R. Plakhtyukova // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. – 2019. – 341(1). – 012079.

228. Selionova, M.I. Polymorphism of the CAPN1 and GH genes and its relationship with the productivity of cattle of the Kazakh white-headed breed / M.I. Selionova, V.R. Plakhtyukova // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. – 132(2). – 2020. – P. No. – 010132.

229. Shakirov, S.K. Molecular and genetic aspects of meat cattle selection by marbling / S.K. Shakirov, R. Yulmetyeva, L.I. Gafurova // Bull. of Meat Cattle Breeding. – 2014. – Vol. 2. – P. 59–64.

230. Smith, J.A. Genetic variation in the bovine myostatin gene in UK beef cattle: allele frequencies and haplotype analysis in the South Devon / J.A. Smith, A.M. Lewis, P. Wiener, J.L. Williams // Anim. Genet. – 2000. – Vol. 31. – № 5. – P. 306–309.

231. Soloshenko, V.A. On the possibility of using genetic markers in selection of meat cattle to improve meat quality / V.A. Soloshenko, G.M. Goncharenko, A.A. Dvoryatkin, V.A. Pleshakov // Bull. of Meat Cattle Breeding. – 2013. – Vol. 1. – P. 37–40.

232. Sunnucks, P. Efficient genetic markers for population biology / P. Sunnucks // American Journal of Plant Sciences. – 2001. – Vol. 15 – P. 199–203.

233. Surundaeva, L.G. Use of DNA markers to define CAPN1 gene polymorphism of beef cattle / L.G. Surundaeva, L.A. Maevskaya, D.B. Kosyan // Bull. of Meat Cattle Breeding. – 2012. – Vol. 4. – P. 41–45.

234. Tatsuda, K. Relationship of the Bovine Growth Hormone Gene to Carcass Traits in Japanese Black Cattle / K. Tatsuda, A. Oka, E. Iwamoto et al. // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2008. – V. 125. – № 1. – P. 45–49.

235. Waters, S.M. Associations between newly discovered polymorphisms in the *Bos taurus* growth hormone receptor gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle / S.M. Waters, M.S. McCabe, D.J. Howard, L. Giblin, D.A. Magee, D.E. MacHugh, D.P. Berry // *Anim. Genet*. – 2011. – V. 42. – No. 1. – P. 39–49.

236. Woollard, J. HinfI polymorphism at the bovine PIT1 locus / J. Woollard, C.B. Schmitz, A.E. Freeman, C.K. Tuggle // *J. Anim. Sci.* – 1994. – V. 72. – No. 12. – P. 3267–3274.

237. Zhang, F. Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: I: feed efficiency and component traits / F. Zhang, Y. Wang, R. Mukiibi, L. Chen, M. Vinsky, G. Plastow, J. Basarab, P. Stothard, C. Li // *BMC Genomics*. – 2020. – Vol. 21. – № 36. – P. 2–22.

238. Zhang, H.M. Rapid communication: Polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis of the bovine somatotropin gene / H.M. Zhang, D.R. Brown, S.K. DeNise and R.L. Ax // *J. Anim. Sci.* – 1993. – № 71. – P. 2276.

**ПРИЛОЖЕНИЯ**

**Результаты генотипирования родительского стада казахской белоголовой породы  
(быки-производители), n = 35**

Дата тестирования: 15 ноября 2018 г.

№ п/п	Инд.№ живот ного	Кальпаин (CAPN1)*			Ген гормона роста (GH)*			Число селекционно значимых генетических маркёров
		CC	CG	GG	VV	LV	LL	
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	5201	CC					LL	2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
2	5803			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
3	5807			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
4	4889			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
5	4817		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
6	4043			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
7	5013		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
8	5017		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
9	5005			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
10	5003			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
11	5251			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
12	5847			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
13	5747			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
14	5839			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
15	5551		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
16	5629			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
17	5297			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
18	4825		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
19	4509		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
20	4609			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
21	5895			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
22	5215			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
23	5451			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
24	5677			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
25	5207			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
26	5711			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
27	5691			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
28	5871			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
29	5837			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
30	5205			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
31	5203			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров

1	2	3	4	5	6	7	8	9
32	5249			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
33	2421			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
34	5833			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
35	5853			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
<b>Всего:</b>		1	6	28	1	11	23	

\* *Примечание:*



– гомозигота (желательный доминантно-аллельный генотип);



– гетерозигота (присутствие желательной-доминантной аллели в генотипе).



## Результаты генотипирования родительского стада казахской белоголовой породы (коровы), n = 160

Дата тестирования: 12 сентября 2018 г.

№ п/п	Инд. № живот- ного	Кальпаин (CAPN1)*			Ген гормона роста (GH)*			Число селекционно значимых генетических маркёров
		CC	CG	GG	VV	LV	LL	
		3	4	5	6	7	8	9
1	2366			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
2	0252		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
3	0316			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
4	3878			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
5	0408			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
6	0354			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
7	0474			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
8	2234			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
9	1288			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
10	1300		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
11	0552			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
12	0138			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
13	0430			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
14	0450			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
15	2150			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
16	1236			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
17	2216			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
18	0506			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
19	2332			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
20	2116			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
21	3030		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
22	2698			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
23	3610			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
24	0492	CC					LL	2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
25	2052		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
26	1290			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров

## Продолжение приложения 2

1	2	3	4	5	6	7	8	9
27	1924		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
28	1332			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
29	2042			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
30	2464			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
31	0414			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
32	3248		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
33	0472			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
34	3020			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
35	3256			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
36	0338			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
37	0146			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
38	2060			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
39	1338			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
40	3036		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
41	1234			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
42	1238		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
43	1254			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
44	1270			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
45	0262			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
46	0264			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
47	0288			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
48	0216			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
49	0420		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
50	0456		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
51	0514		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
52	2434			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
53	2462			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
54	2468			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
55	3120			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
56	3128			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
57	3628		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
58	4042		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
59	0612	CC				LV		3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
60	0654			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
61	1348			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
62	2690			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе

## Продолжение приложения 2


1	2	3	4	5	6	7	8	9
63	3132			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
64	3570			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
65	3624			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
66	4044			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
67	0348			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
68	0460			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
69	0500			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
70	0322			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
71	0462		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
72	0508			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
73	0608			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
74	1388			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
75	1518			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
76	1626			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
77	2572			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
78	2668			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
79	3264		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
80	2430			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
81	2544			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
82	3142		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
83	0328			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
84	0532			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
85	3176			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
86	0328			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
87	2336			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
88	2340	CC			VV			4 аллели (гомозиготы) в 2 локусах
89	2164			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
90	2180			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
91	2218			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
92	0136			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
93	0246			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
94	0254			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
95	0302			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
96	2564		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
97	3136			GG	VV			2 аллели (гомозиготы) в 1 локусе
98	0572			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе


## Продолжение приложения 2

1	2	3	4	5	6	7	8	9
99	1596	CC			VV			4 аллели (гомозиготы) в 2 локусах
100	2024			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
101	0554			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
102	2126			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
103	2142		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
104	0550		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
105	2160			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
106	2228			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
107	2326		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
108	2322		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
109	2244			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
110	2252			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
111	2318	CC				LV		3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
112	3144			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
113	0160			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
114	0230			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
115	0238			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
116	2346			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
117	2368		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
118	2402			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
119	4188			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
120	3184			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
121	3312			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
122	3348			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
123	3356			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
124	4132			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
125	3184			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
126	2328		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
127	0576			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
128	0594			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
129	1392			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
130	1402			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
131	1438			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
132	1566			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
133	1454		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
134	1466			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров

## Окончание приложения 2

1	2	3	4	5	6	7	8	9
135	1494			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
136	4190			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
137	4456			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
138	0236		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
139	1420		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
140	1432		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
141	1526	CC				LV		3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
142	1554			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
143	2066		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
144	2120		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
145	2714			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
146	3122		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
147	4208			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
148	0870			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
149	1294			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
150	1330			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
151	0350			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
152	0384			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
153	0418			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
154	2798			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
155	2968	CC			VV			4 аллели (гомозиготы) в 2 локусах
156	3046			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
157	3050			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
158	3712			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
159	3978			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
160	4036			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
<b>Все го:</b>		7	30	123	25	45	90	

\*Примечание:  – гомозигота (желательный доминантно-аллельный генотип)

 – гетерозигота (присутствие желательной-доминантной аллели в генотипе)

**Результаты генотипирования крупного рогатого скота казахской белоголовой породы  
(ремонтный молодняк – бычки), n=93**


Дата тестирования: 19 февраля 2018 г.


№ n/n	Родственные триады			Кальпаин (CAPN1)*			Ген гормона роста (GH)*			Число селекционно значимых генетических маркеров
	Потомок (инд.№)	Отец (инд.№/генотип)	Мать (инд.№/генотип)	CC	CG	GG	VV	LV	LL	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	7287	5847 (GG/LL)	2150 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
2	7235	5839 (GG/LV)	2366 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
3	7333	4825 (CG/LL)	3030 (CG/LL)	CC					LL	2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
4	7315	4825 (CG/LL)	3248 (CG/LV)		CG			LV		2 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
5	7265	5847 (GG/LL)	1238 (CG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
6	7275	5839 (GG/LV)	0430 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
7	7201	4825 (CG/LL)	1290 (GG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
8	7209	4825(CG/LL)	1924 (CG/LV)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
9	7317	4825 (CG/LL)	1332 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
10	7327	5839 (GG/LV)	1254 (GG/VV)		CG		VV			3 аллели (гомозигота) в 2 локусах
11	7227	5839 (GG/LV)	2332 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
12	7217	5839 (GG/LV)	2042 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
13	7225	5747 (GG/LL)	1236 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
14	7211	5839(GG/LV)	3256 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
15	7255	4825 (CG/LL)	2464 (GG/LL)		CG			LV		2 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
16	7223	5747 (GG/LL)	1270 (GG/VV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
17	7297	5839 (GG/LV)	1338 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
18	7253	5839 (GG/LV)	2234 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
19	7243	5747 (GG/LL)	2216 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
20	7239	5747 (GG/LL)	1288 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
21	7379	5747 (GG/LL)	1300 (CG/VV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
22	7647	5297 (GG/LL)	0138 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
23	7739	4207 (GG/VV)	0408 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
24	7605	4609 (GG/LV)	0252 (CG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
25	7641	4209 (GG/VV)	0338 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
26	7673	4207 (GG/VV)	0262 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе

## Продолжение приложения 3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
27	7613	4207 (GG/VV)	0264 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
28	7615	4609 (GG/LV)	0316 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
29	7611	4207 (GG/VV)	0474 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
30	7601	4609 (GG/LV)	0288 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
31	7609	4609 (GG/LV)	0216 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
32	7665	4209 (GG/VV)	0420 (CG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
33	7655	5201 (CC/LL)	2698 (GG/LL)	CC					LL	2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
34	7683	4209 (GG/VV)	0456 (CG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
35	7645	5297 (GG/LL)	0514 (CG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
36	7653	5201 (CC/LL)	3610 (GG/LV)	CC				LV		3 аллели (гомозигота) в 1 локусе
37	7717	5297 (GG/LL)	2434 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
38	7631	4207 (GG/VV)	2462 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
39	7703	4609 (GG/LV)	3878 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
40	7713	4609 (GG/LV)	2468 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
41	7893	4509 (CG/LV)	3120 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
42	7865	4817 (CG/LV)	0492 (CC/LV)	CC					LL	2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
43	7807	5803 (GG/LV)	2218 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
44	7863	4817 (CG/LV)	0136 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
45	7867	4817 (CG/LV)	0472 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
46	7823	5803 (GG/LV)	3128 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
47	7805	4817 (CG/LV)	3020 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
48	7819	4817(CG/LV)	3628 (CG/LL)		CG			LV		2 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
49	7817	4817 (CG/LV)	4042 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
50	7827	4817(CG/LV)	0146 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
51	7829	4817 (CG/LV)	0414 (GG/LL)		CG		VV			3 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
52	7891	4817 (CG/LV)	0612 (CC/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
53	7825	4817(CG/LV)	0654 (GG/VV)	CC				LV		3 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
54	7801	4817 (CG/LV)	1348 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
55	7873	5807 (GG/LV)	2060 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
56	7845	4817 (CG/LV)	2690 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
57	7871	4509 (CG/LV)	0354 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
58	6855	4889(GG/LL)	3036 (CG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
59	6839	5251(GG/LL)	3132 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
60	6843	5215(GG/VV)	3570 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
61	6875	4509 (CG/LV)	0552 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
62	6853	5013(CG/LV)	3624 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
63	6821	5003(CG/LV)	4044 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
64	6837	5629(GG/LV)	0348 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
65	6849	4817 (CG/LV)	0460 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
66	6833	4509 (CG/LV)	2052 (CG/LV)	CC			VV			4 аллели (гомозиготы) в 2 локусах
67	6869	5451 (GG/LL)	1234 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
68	6813	4509 (CG/LV)	0506 (GG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
69	6815	4817 (CG/LV)	2116 (GG/LL)					LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
70	6879	5677 (GG/LL)	0500 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
71	6901	4817 (CG/LV)	0462 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
72	6903	4509 (CG/LV)	0450 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
73	7413	5833 (GG/LL)	0508 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
74	7453	4509 (CG/LV)	0608 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
75	7487	5833 (GG/LL)	1388 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
76	7525	4509 (CG/LV)	1518 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
77	7451	4509 (CG/LV)	1626 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
78	7485	5833 (GG/LL)	2572 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
79	7477	4509 (CG/LV)	2668 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
80	7467	4509 (CG/LV)	3264 (CG/LV)		CG			LV		2 аллели (гетерозигота) в 2 локусах
81	7035	5837 (GG/LV)	2430 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
82	7033	5895 (GG/LL)	2544 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
83	7053	4043 (GG/LL)	0322 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
84	7021	4043 (GG/LL)	3142 (CG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
85	7043	4043 (GG/LL)	0328 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
86	7067	4043 (GG/LL)	0532 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
87	7009	5551(CG/LV)	3176 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
88	7015	5207 (GG/LL)	0328 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
89	7025	5005 (GG/LL)	2336 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
90	7041	4043 (GG/LL)	2340 (CC/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
91	7081	5837 (GG/LV)	2164 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
92	7045	4043 (GG/LL)	2180 (GG/VV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
93	б/н					GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
Всего:				6	12	75	29	17	47	

\* *Примечание:*  – гомозигота (желательный доминантно-аллельный генотип);

 – гетерозигота (присутствие желательной-доминантной аллели в генотипе).



**Результаты генотипирования крупного рогатого скота казахской белоголовой породы**

**(ремонтный молодняк – телочки), n = 64**


Дата тестирования: 20 февраля 2018 г.


№ n/n	Родственные триады			Кальпаин (CAPN1)*			Ген гормона роста (GH)*			Число селекционно значимых генетических маркеров
	Потомок (инд.№)	Отец (инд.№/генотип)	Мать (инд.№/генотип)	CC	CG	GG	VV	LV	LL	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	73118	5803 (GG/LV)	2564 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
2	73110	5807 (GG/LV)	3136 (GG/VV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
3	73114	5807 (GG/LV)	0572 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
4	73120	4817 (CG/LV)	1596 (CC/VV)	CC				LV		3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
5	71284	5629 (GG/LV)	2024 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
6	71300	5629 (GG/LV)	0554 (GG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
7	71214	5677 (GG/LL)	2126 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
8	71216	5629 (GG/LV)	2142 (CG/LL)		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
9	71308	5629 (GG/LV)	0550 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
10	71316	5629 (GG/LV)	2160 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
11	71222	5677 (GG/LL)	2228 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
12	71320	5629 (GG/LV)	2326 (CG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
13	73100	4825 (CG/LL)	2322 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
14	71228	5677 (GG/LL)	2244 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
15	73102	4825 (CG/LL)	2252 (GG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
16	71232	5629 (GG/LV)	2318 (CC/LV)		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
17	73108	4825 (CG/LL)	3144 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
18	71236	5677 (GG/LL)	0160 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
19	73112	4825 (CG/LL)	0230 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
20	73116	4825 (CG/LL)	0238 (GG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
21	71242	5629 (GG/LV)	2346 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
22	74560	4509 (CG/LV)	2368 (CG/VV)	CC			VV			4 аллели (гомозиготы) в 2 локусах
23	73104	5215 (GG/VV)	2402 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
24	73124	5215 (GG/VV)	4188 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
25	71290	5677 (GG/LL)	3184 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
26	71294	5677 (GG/LL)	3312 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
27	71302	5677 (GG/LL)	3348 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
28	71312	5677 (CG/LV)	3356 (GG/LV)		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
29	70020	4043 (GG/LL)	4132 (GG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
30	70280	4043 (GG/LL)	3184 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
31	71262	5629 (GG/LV)	2328 (CG/LV)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
32	70360	4043 (GG/LL)	0576 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
33	70420	4043 (GG/LL)	0594 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
34	70440	4043 (GG/LL)	1392 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
35	70500	4043 (GG/LL)	1402 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
36	71272	5629 (GG/LV)	1438 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
37	71282	5629 (GG/LV)	1566 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
38	70540	5005 (GG/LL)	1454 (CG/LV)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
39	70120	5895 (GG/LL)	1466 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
40	71141	5895 (GG/LL)	1494 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
41	70460	5207 (GG/LL)	4190 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
42	70860	5207 (GG/LL)	4456 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
43	70580	5837 (GG/LV)	0236 (CG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
44	7856	4817 (CG/LV)	1420 (CG/LV)		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
45	7858	4817 (CG/LV)	1432 (CG/LV)		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
46	7860	4817 (CG/LV)	1526 (CC/LV)	CC				LV		3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
47	7792	5201 (CC/LL)	1554 (GG/LV)		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
48	7794	5201 (CC/LL)	2066 (CG/LL)		CG				LL	1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
49	7784	5201 (CC/LL)	2120 (CG/LV)	CC					LL	2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
50	7802	5451 (GG/LL)	2714 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
51	7820	5451 (GG/LL)	3122 (CG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
52	7832	5451 (GG/LL)	4208 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
53	7708	5297 (GG/LL)	0870 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
54	7724	5297 (GG/LL)	1294 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
55	7738	5297 (GG/LL)	1330 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
56	7710	4609 (GG/LV)	0350 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе

## Продолжение приложения 4

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
57	7722	4609 (GG/LV)	0384 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
58	7730	4609 (GG/LV)	0418 (GG/LL)			GG		LV		1 аллель (гетерозигота) в 1 локусе
59	7736	4609 (GG/LV)	2798 (GG/LV)			GG	VV			2 аллели (гомозигота) в 1 локусе
60	7740	4609 (GG/LV)	2968 (CC/VV)		CG		VV			3 аллели (2 гомозиготы, 1 гетерозигота) в 2 локусах
61	7748	4609 (GG/LV)	3046 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
62	7706	4609 (GG/LV)	3050 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
63	7205	5013 (CG/LV)	3712 (GG/LV)		CG			LV		2 аллели (гетерозиготы) в 2 локусах
64	7744	5551 (CG/LV)	3978 (GG/LL)			GG			LL	Нет селекционно значимых маркёров
<b>Всего:</b>				4	14	46	7	18	39	



\* *Примечание:*  – гомозигота (желательный доминантно-аллельный генотип);

 – гетерозигота (присутствие желательной-доминантной аллели в генотипе).

Состав жирных кислот липидов плазмы крови телят (бычки) казахской белоголовой породы по генотипам CAPN1 и GN, коэффициенты ИНЛ, ИИОЛ, КЭМ

№ n/n	Инд. № жив.	Ген / генотип	Жирные кислоты / код, %										ИНЛ	ИИОЛ	КЭМ	
			Миристи- новая, C <sub>14:0</sub>	Пентаде- кановая, C <sub>15:0</sub>	Пальми- тиновая, C <sub>16:0</sub>	Гептаде- кановая, C <sub>17:0</sub>	Гептаде- ценовая, C <sub>17:1</sub>	Стеари- новая, C <sub>18:0</sub>	Олеи- новая, C <sub>18:1</sub>	Лино- левая, C <sub>18:2</sub>	Линоле- новая, C <sub>18:3</sub>	Арахидо- новая, C <sub>20:4</sub>				
1	7333	CAPN1	CC	0,60	0,68	27,37	1,95	2,40	19,28	16,97	19,98	3,16	4,78	1,05	1,61	0,23
2	7655			0,49	1,01	27,70	1,84	2,73	18,95	16,75	20,09	2,83	4,67	1,06	1,65	0,23
3	7653			0,82	0,90	27,59	2,17	2,62	19,06	16,86	19,76	2,94	5,00	1,07	1,63	0,25
4	7865			0,71	0,79	27,48	2,06	2,51	19,17	17,08	19,87	3,05	4,89	1,45	1,6	0,24
5	6833			0,93	0,57	27,26	2,28	2,29	19,39	17,19	19,65	3,27	5,11	1,06	1,58	0,26
6	7867		GG	1,05	1,18	20,47	2,48	1,80	24,44	13,98	18,66	2,43	3,27	1,23	1,46	0,17
7	7805			1,16	1,40	20,58	2,37	2,02	24,55	13,87	18,55	2,54	3,88	1,22	1,48	0,20
8	7827			1,27	0,96	20,25	2,70	1,69	24,22	13,75	18,88	2,65	3,49	1,22	1,47	0,18
9	7873			0,94	1,07	20,36	2,59	1,91	24,33	14,09	18,77	2,32	3,16	1,22	1,44	0,16
10	7297			0,83	1,29	20,69	2,26	2,13	24,66	14,20	18,44	2,21	3,05	1,24	1,45	0,16
11	7201		CG	0,86	0,94	21,33	2,22	2,34	21,27	14,24	19,08	2,77	3,89	0,95	1,49	0,20
12	7209			0,75	1,05	21,44	2,11	2,45	21,05	14,46	18,97	2,66	3,78	1,09	1,48	0,19
13	7317			1,08	1,16	21,11	2,44	2,12	21,38	14,13	19,30	2,55	3,67	1,12	1,49	0,19
14	7255			0,64	0,72	21,55	2,00	2,56	20,94	14,57	18,86	2,99	4,11	1,06	1,47	0,21
15	7829			0,97	0,83	21,22	2,33	2,23	21,16	14,35	19,19	2,88	4,00	1,09	1,47	0,20

16	7235	GH	VV	1,09	0,83	21,76	2,34	1,62	21,62	15,27	17,42	2,43	3,53	1,18	1,42	0,20
17	7605			0,76	1,16	22,09	2,45	1,95	21,51	14,94	17,31	2,10	3,20	1,21	1,47	0,18
18	7615			0,65	1,05	21,98	2,56	1,84	21,40	15,16	17,20	2,21	3,31	1,19	1,44	0,19
19	7703			0,98	0,94	21,87	2,67	1,73	21,29	15,05	17,09	2,32	3,42	1,20	1,45	0,20
20	7871			0,87	1,27	22,20	2,78	2,06	21,18	14,83	16,98	1,99	3,09	1,24	1,49	0,18
21	7287		LL	0,79	0,82	24,85	2,18	2,56	19,47	16,46	17,89	3,10	4,56	1,07	1,5	0,25
22	7225			0,46	0,93	24,74	2,07	2,45	19,36	16,13	18,22	2,99	4,26	1,07	1,53	0,23
23	7243			0,57	1,04	24,63	1,96	2,34	19,25	16,24	18,11	2,88	4,37	1,07	1,51	0,24
24	6813			0,68	0,71	24,52	1,85	2,23	19,14	16,35	18,00	2,77	4,48	1,07	1,49	0,24
25	6815			0,90	0,60	24,41	1,74	2,12	19,03	16,02	18,33	2,66	4,15	1,07	1,52	0,22
26	7253	LV	0,77	0,93	23,07	2,49	1,94	18,79	15,49	17,89	2,43	3,83	1,10	1,48	0,21	
27	7239		0,55	1,04	23,18	2,60	2,27	18,90	15,60	17,67	2,32	4,05	1,10	1,48	0,22	
28	7379		0,88	0,71	22,85	2,27	2,16	18,57	15,27	18,00	2,65	3,72	1,08	1,49	0,20	
29	6875		0,99	0,82	22,74	2,16	1,83	18,46	15,16	18,11	2,76	3,61	1,08	1,5	0,19	
30	6903		0,66	1,15	22,96	2,38	2,05	18,68	15,38	17,78	2,54	3,94	1,09	1,49	0,22	
Сумма по группам				24,7	28,55	694,25	68,3	64,95	620,5	459,84	554,05	79,4	118,27	33,95	45,03	6,24
Средняя по группам				0,82	0,95	23,14	2,27	2,16	20,68	15,33	18,47	2,64	3,94	1,13	1,50	0,20

\*Примечание: – насыщенные жирные кислоты   
– мононасыщенные жирные кислоты   
– полинасыщенные жирные кислоты 