

**ПЕТРОВ АЛЕКСЕЙ ФЕДОРОВИЧ**

**ГЕНЕАЛОГИЧЕСКАЯ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА  
ЧЁРНО-ПЁСТРОГО СКОТА ЗАПАДНОЙ СИБИРИ**

Специальность: 4.2.5 Разведение, селекция, генетика  
и биотехнология животных

Автореферат  
диссертации на соискание ученой степени  
кандидата биологических наук

Новосибирск 2025

Работа выполнена в Федеральном государственном бюджетном образовательном учреждении высшего образования «Новосибирский государственный аграрный университет» (ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ)

Научный руководитель: доктор биологических наук, доцент  
**Камалдинов Евгений Варисович**

Официальные оппоненты: **Ахметов Тахир Мунавирович**  
доктор биологических наук, профессор,  
ФГБОУ ВО «Казанская государственная академия  
ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана», заведующий  
кафедрой биологической химии, физики и математики

**Прожерин Валентин Петрович**  
доктор сельскохозяйственных наук,  
Приморский филиал ФГБУН «Федеральный  
исследовательский центр комплексного изучения  
Арктики имени академика Н.П. Лаверова Уральского  
отделения Российской академии наук» – «Архангельский  
научно-исследовательский институт сельского  
хозяйства», старший научный сотрудник лаборатории  
животноводства

Ведущая организация: ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский  
институт племенного дела»

Защита диссертации состоится «\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 г. в \_\_\_\_ часов на заседании  
диссертационного совета 35.2.025.03, созданного на базе ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ по  
адресу: 630039, г. Новосибирск, ул. Добролюбова, 160.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ и на  
сайте <http://edubiotech.ru>

Автореферат разослан «\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 г.

Учёный секретарь  
диссертационного совета,  
кандидат биологических наук,  
доцент

Маренков Владимир Григорьевич

## ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

**Актуальность исследований и степень разработанности выбранной темы.** В соответствии с Указом Президента Российской Федерации «О Стратегии научно-технологического развития РФ», одним из приоритетных направлений определен переход к высокопродуктивному и экологически чистому агрохозяйству, а также обеспечение продовольственной безопасности страны. Реализация данных задач невозможна без активного внедрения современных отечественных цифровых решений и наукоемких подходов в селекцию и племенное дело [Мымрин и др., 2012; Племяшов и др., 2014 и др.; Смарагдов, 2013; Солошенко и др., 2013], наряду с необходимостью системной оценки генетического разнообразия для эффективного управления генетическими ресурсами и достижения технологического суверенитета в отрасли [Зиновьева и др., 2019; Паронян и др., 2010].

В настоящее время молочное скотоводство Российской Федерации характеризуется зависимостью от импорта племенного материала и технологий, при недостаточном учете региональных природно-климатических и хозяйственных условий. Отсутствие верифицированных и централизованных источников данных о генеалогической и генетической структуре популяций препятствует эффективной отечественной селекции, что негативно сказывается на качестве генеалогической структуры маточного поголовья. Разобщенность и наличие ошибок в генеалогических базах данных предприятий в регионах снижают точность популяционно-генетических исследований и, как следствие, приводят к снижению эффективности отечественного племенного животноводства. Этот факт подтверждается практически отсутствием быков отечественной селекции, полученных во втором и последующих поколениях быков в Российской Федерации, которые были бы сопоставимы по качеству с зарубежными.

Особую остроту проблема приобретает в регионах с разнообразными и зачастую экстремальными природно-климатическими условиями, такими как в Западной Сибири, что предъявляет повышенные требования к достоверности генеалогической информации и адекватному отражению генетической структуры трансконтинентальных пород, в первую очередь голштинской, доминирующей в молочном скотоводстве региона. Потенциал дальнейшего повышения продуктивности молочного скота в данном регионе неразрывно связан с необходимостью цифровой трансформации отрасли и обеспечением достоверности первичных зоотехнических данных. Актуальность работы, таким образом, обусловлена необходимостью сохранения и рационального использования имеющегося генетического потенциала чёрно-пёстрого скота с учётом специфических условий Западной Сибири и стремлением к обеспечению технологической независимости в области племенного молочного скотоводства. Это диктует неотложную необходимость углубленного изучения генетической и генеалогической структур молочного скота на основе верифицированных данных первичного зоотехнического учета региона в целом, а не только отдельных хозяйств..

В контексте разработанности темы следует отметить, что проблема повышения эффективности молочного скотоводства, включая работу с чёрно-пёстрым скотом, находится в фокусе внимания мировой науки [Амерханов, 2012; Богданова и др., 2023; Донник и др., 2024; Cole et al., 2011; Hayes et al., 2009; Meuwissen et al., 2016]. Накоплен значительный объем фундаментальных и прикладных знаний в области традиционных методов селекции, современных геномных технологий и молекулярно-генетических подходов [Калашникова и др., 2016; Ilie et al., 2021; Nayeri et al., 2016; Czerneková et al., 2006; Zhou et al., 2005; Cole et al.,

2011; Hayes et al., 2009; Wang et al., 2022], включая исследования по голштинизации, роли генеалогической структуры в селекционном процессе и методам оценки племенной ценности животных. Тем не менее, несмотря на существенный прогресс, сохраняется выраженная потребность в разработке и реализации комплексных подходов, интегрирующих традиционные методы селекции, передовые геномные технологии и современные информационные решения для племенного животноводства. Особую актуальность приобретают исследования, ориентированные на адаптацию существующих методологических подходов к специфическим региональным условиям и породам, а также на развитие методов верификации и валидации данных первичного зоотехнического учета, как фундамента для достоверных популяционно-генетических исследований и эффективной селекции.

**Цель и задачи исследования.** Цель – оценка генеалогической и генетической структуры чёрно-пёстрого скота Западной Сибири по верифицированным данным первичного зоотехнического учёта для разработки научно-обоснованных основ региональных программ крупномасштабной селекции. В соответствии с поставленной целью в работе были обозначены следующие задачи:

1. Разработать и внедрить комплексную методологию верификации и валидации данных первичного зоотехнического учёта в молочном скотоводстве Западной Сибири, включающую математическую модель прогнозирования удоя и обеспечивающую формирование достоверной и научно-обоснованной базы для генеалогического и генетического анализа.

2. Выполнить комплексную оценку несмещённой генеалогической структуры популяции чёрно-пёстрого скота на региональном уровне, включая уровень её дискретности, для определения оптимальных стратегий управления генетическими ресурсами.

3. Провести изучение несмещённой генетической структуры популяции чёрно-пёстрого скота по STR-локусам с использованием больших массивов верифицированных данных для оценки генетического разнообразия и выявления особенностей популяции скота Западной Сибири.

4. Проанализировать несмещённую генетическую структуру популяции по SNP-локусам, ассоциированным с признаками молочной продуктивности для совершенствования методов оценки племенных качеств молочного скота в рамках региональных программ крупномасштабной селекции, в том числе геномной селекции.

**Научная новизна исследований.** Впервые для чёрно-пёстрого скота Западной Сибири в комплексе проанализированы генеалогическая и генетическая структуры популяции на региональном уровне с использованием уточнённых (верифицированных) данных первичного зоотехнического учета, что обеспечивает целостное представление о генетических ресурсах региона для разработки программ крупномасштабной селекции. Разработана и внедрена комплексная методология верификации и валидации данных, обеспечивающая получение достоверной основы для последующего генетического анализа и принятия обоснованных селекционных решений. Создана региональная база данных верифицированных генотипов и фенотипов чёрно-пёстрого скота, решающая проблему цифровой идентификации животных для развертывания региональных селекционных программ. Продемонстрировано повышение точности математических моделей прогнозирования удоя при использовании уточнённых данных, что обосновывает их практическое применение для повышения эффективности селекционных программ в молочном скотоводстве Западной Сибири.

**Теоретическая значимость** заключается в расширении и углублении знаний о несмещенных генеалогической и генетической структурах поголовья чёрно-пёстрого скота Западной Сибири, а также об изменчивости признаков молочной продуктивности. Разработка и апробация комплексной методологии валидации и верификации больших объемов входных данных первичного зоотехнического учёта, основанной на программных алгоритмах, математическом моделировании и многомерном статистическом анализе, вносит вклад в развитие теории и практики управления качеством данных в животноводстве. Полученные результаты и разработанная методология формируют научно-теоретическую базу для дальнейших исследований в области геномной селекции молочного скота. Это важно для разработки региональных программ, направленных на повышение продуктивности и адаптивности скота в Западной Сибири и их дальнейшего масштабирования в РФ и странах ЕАЭС.

**Практическая значимость** работы определяется созданием прикладных инструментов и методических решений для существенного повышения эффективности селекционно-племенной работы с чёрно-пёстрым скотом Сибири. В практику племенных и товарных предприятий, а также региональных информационно-селекционных центров, предлагается к внедрению разработанное прикладное программное обеспечение, верифицированная региональная база данных и математическая модель изменчивости уровня удоя. Интеграция данных разработок в селекционный процесс обеспечит повышение точности оценки племенной ценности животных, целенаправленную оптимизацию и совершенствование региональных селекционных программ.

**Методология и методы исследования.** Методологической основой послужили работы отечественных и зарубежных исследователей в релевантных областях науки. Генеалогическая и генетическая структура изучалась на основе записей о животных в базах данных предприятий Сибирского федерального округа (СФО). Сведения о фенотипах и генотипах верифицировались согласно принципам многомерной статистики, биоинформатики и программирования. Данные для изучения генеалогической структуры были дополнены информацией из зарубежных открытых источников. В основе генетических исследований были использованы микросателлитные профили (STR-локусы) и однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) чёрно-пёстрого скота Западной Сибири.

**Основные положения, выносимые на защиту:**

1. Впервые предложенный комплекс методов верификации данных первичного зоотехнического учёта объединяет программные алгоритмы цифровой идентификации (с привлечением всех доступных источников), методы многомерной статистики и многоуровневую визуализацию генеалогических деревьев с использованием массивов больших данных. Данный комплекс обеспечивает формирование достоверной основы для популяционно-генетических исследований молочного скота в Сибирском федеральном округе (СФО), качество которой превосходит традиционные подходы, опирающиеся на не верифицированные данные.

2. Комплексная оценка несмещённой генеалогической структуры популяции чёрно-пёстрого скота Западной Сибири, проведённая на региональном уровне, позволила не только выявить, но и количественно оценить вклад ведущих быков-производителей в формирование регионального маточного поголовья и его генеалогическую дискретизацию, что является важным при оптимизации селекционных программ.

3. Изучение несмещённой генетической структуры популяции чёрно-пёстрого скота Западной Сибири по STR-локусам на основе верифицированных данных показало сохране-

ние высокого уровня генетического разнообразия, несмотря на интенсивную голштинизацию, с выраженным уровнем полиморфизма по локусам TGLA122, TGLA227 и TGLA53, что свидетельствует об особенностях её генетической структуры.

4. Анализ несмещённой генетической структуры популяции по SNP-локусам, ассоциированными с признаками молочной продуктивности, позволил для региональной популяции выявить высокое значение генетического разнообразия Нея по полиморфизму rs109421300, расположенному рядом с геном DGAT1. Данный ген связан с выходом жира, молока, процентами жира и белка, что открывает перспективы для использования данного SNP в геномной селекции черно-пёстрого скота Западной Сибири.

**Степень достоверности и апробация результатов исследований.** Проводимые исследования были основаны на использовании большого массива данных первичного электронного зоотехнического учёта (более 6 млн. записей о происхождении животных и показателях молочной продуктивности из региональных и международных баз данных), которые включали региональные микросателлитные профили и данные однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) с использованием чипов плотностью 50K. Все полученные массивы данных подвергались многосторонней верификации и валидации. Верификация проводилась путём сопоставления полученных результатов с данными из открытых источников (CDN, CDCB, базы данных ВНИИплем в открытом доступе), а валидация – посредством статистического анализа и многомерного моделирования с последующей интерпретацией результатов. Использование такого подхода позволило уточнить генеалогическую и генетическую структуру чёрно-пёстрого скота Западной Сибири.

Представленные результаты диссертационного исследования были доложены и обсуждены на следующих конференциях и мероприятиях: круглый стол "Проекты для рынка Фуднет" (в рамках цикла мероприятий "Что такое рынки НТИ") (6 октября 2022), "SibAgroTech 2022" - I Научно-практическая конференция (Новосибирск 2022), «Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии XXIII». Материалы 23-ей всероссийской молодежной научной конференции (Москва 2023), Всероссийская научно-практическая конференция «Инновационные методы и технологии повышения продуктивности в молочном животноводстве» (Барнаул 2024), Сборник трудов научно-практической конференции преподавателей, аспирантов, магистрантов и студентов Новосибирского ГАУ Выпуск 9 (Новосибирск 2024), Conference Proceedings: Global Food Forum 2021. Dialogue without borders (Бишкек, 2022).

**Публикации результатов исследования.** По теме диссертационного исследования было опубликовано 11 работ. В рецензируемых научных журналах, рекомендованных ВАК - 5 статей в журналах «Вестник НГАУ» и «Животноводство и кормопроизводство»; работа в издании «Veterinary World» из списка «Белого списка»; получено свидетельство о регистрации базы данных.

**Структура и объем работы.** Диссертация представлена на 196 страницах машинописного текста, содержит 14 таблиц, 30 рисунков и 5 приложений. В библиографический список включено 260 источников, из которых отечественных 137 и зарубежных 123. Текст диссертации включает введение, обзор литературы, материалы и методы исследования, результаты исследований, обсуждения результатов, предложения, библиографический список и приложения.

# ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ РАБОТЫ

## 1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

В главе приведен аналитический обзор об актуальных тенденциях в молочном скотоводстве России, выявивший необходимость сохранения генетического разнообразия и преодоления зависимости от импортного племенного материала в условиях интенсивной голштинизации. Информационные технологии рассматриваются как ключевой инструмент для управления большими данными и цифровой трансформацией отрасли, однако, фрагментация и децентрализация данных первичного зоотехнического учета в России создают существенные препятствия для эффективной реализации крупномасштабной селекции и требуют разработки централизованных информационно-аналитических систем, обеспечивающих достоверность данных и обновлённый взгляд на генеалогическую и генетическую структуры.

## 2. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Настоящее исследование, посвященное комплексной оценке генеалогической и генетической структуры популяции чёрно-пёстрого скота Западной Сибири, выполнено на базе лаборатории прикладной биоинформатики ФГБОУ ВО Новосибирский государственный аграрный университет. Общая схема проведённого исследования представлена на рисунке 1.



Рисунок 1 - Схема исследований

Информационной основой работы послужили данные о фенотипах, генотипах и генеалогии, полученные из баз данных племенных предприятий Сибирского федерального округа, а также из открытых источников, включая данные ФГБНУ ВНИИплем и международной базы Canadian Dairy Network (CDN). Данные первичного зоотехнического учёта извлекались из

локальных баз хозяйств региона и интегрировались в единую реляционную базу данных (СУБД MySQL) с разработанной под исследование архитектурой. Процесс интеграции включал верификацию и валидацию данных с использованием созданного под задачи программного обеспечения (ПО), с особым вниманием к корректности генеалогической информации (анализ происхождения, выявление и исправление ошибок, исключение дублирования записей). В результате была сформирована база данных, охватывающая 299 102 уникальных животных из 22 предприятий (исходно 463 107 записей). База была дополнена информацией о животных зарубежной селекции (CDN), что позволило учесть влияние иностранного генофонда. Оценка генеалогической структуры популяции проводилась на основе анализа полноты и достоверности родословных, рассчитывалась заполненность генеалогии по группам животных. Для визуализации и анализа родственных связей использовались программные инструменты на языке R (версия 4.x.x), строящие нисходящие диаграммы родства. Сходство племенных предприятий по генеалогическим данным оценивалось методами кластерного анализа (иерархические агломеративные методы, в частности, метод Уорда, с использованием метрик Евклида и Чебышева) с визуализацией дендрограммами).

Генетическая структура популяции оценивалась с использованием данных по 12 рекомендованным Коллегией ЕЭК и ISAG микросателлитным локусам (BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA023, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227) для 10 228 животных. Рассчитывались основные показатели генетической изменчивости: число аллелей на локус, частоты аллелей, наблюдаемая ( $H_o$ ) и ожидаемая гетерозиготность ( $H_e$ ), эффективное число аллелей, индекс фиксации Райта, а также индексы разнообразия Шеннона и Симпсона, согласно общепринятым методикам [Меркурьева, 1977; Guo et al., 1992; Kalish et al., 2005 и др.]. Соответствие равновесию Харди-Вайнберга (HWE) проверялось критерием хи-квадрат. Расчеты выполнялись с использованием пакетов R (adegenet, DiveRsity) и разработанного ПО, валидированного сравнением с GenAlEx. Для более детального анализа использовались данные полногеномного SNP-типирования животных голштинской породы (чипы BovineSNP50 BeadChip). Контроль качества данных и фильтрация SNP-локусов (по частоте успешного генотипирования для маркера и образца, частоте минорного аллеля  $MAF > 0,05$ ) осуществлялись с помощью PLINK 1.9 и пакета snpReady. Рассчитывались показатели генетического разнообразия (частоты аллелей,  $H_o$ ,  $H_e$ , уровень полиморфизма (PIC) и генетическое разнообразие Нэя) с проверкой отклонений от равновесия Харди-Вайнберга (критерий хи-квадрат). Анализ фокусировался на SNP, ассоциированных с признаками молочной продуктивности.

Статистическая обработка количественных признаков включала описательную статистику и проверку соответствия нормальному распределению (критерий Андерсона-Дарлинга), с последующей фильтрацией данных. Оценка вклада генетических и паратипических факторов в фенотипическую изменчивость признаков молочной продуктивности осуществлялась с использованием линейных смешанных моделей (LMM) [Mrode et al., 2005]. В модели включались фиксированные и случайные эффекты (сезон и год отёла/запуска, их взаимодействия, номер лактации, возраст первого осеменения/отёла, идентификатор отца, идентификатор животного). Оценка вклада эффектов проводилась в рамках построенных смешанных моделей. Для оценки прогностической способности моделей применялась однократная кросс-валидация, сравнение моделей – по информационным критериям Акаике (AIC) и Шварца (BIC) [Legarra et al., 2009; Ludden et al., 1994]. Методология работы с большими базами данных и их кластеризации была



дополнительно апробирована на примере анализа данных международной базы CDN (кластеризация 28 стран по EBV признаков молочной продуктивности для 819 358 животных) с использованием метода главных компонент (PCA) и кластерного анализа (метод Уорда), СУБД MySQL, Firebird с использованием написанного для исследования ПО.

### 3. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

#### 3.1 Оценка генеалогической структуры

##### 3.1.1 Оценка качества входных генеалогических данных региональных предприятий

В рамках диссертационной работы проведен комплексный анализ качества генеалогических данных первичного электронного зоотехнического учета племенных предприятий Западной Сибири. Использование разработанных методов позволило выявить значительную вариабельность качества генеалогической информации между хозяйствами региона. Отмечено преобладание записей по отцовским предкам родословных, что обусловлено широким распространением искусственного осеменения и доступностью соответствующей информации.

Кластерный анализ, основанный на ранжировании частот пропущенных записей о происхождении, выявил существенные различия в структуре генеалогических данных между группами животных (быки, коровы, телки). Дендрограмма сходства хозяйств по качеству генеалогической информации (рисунок 2) продемонстрировала наличие пяти кластеров, объединяющих предприятия со схожим уровнем точности и полноты родословных.

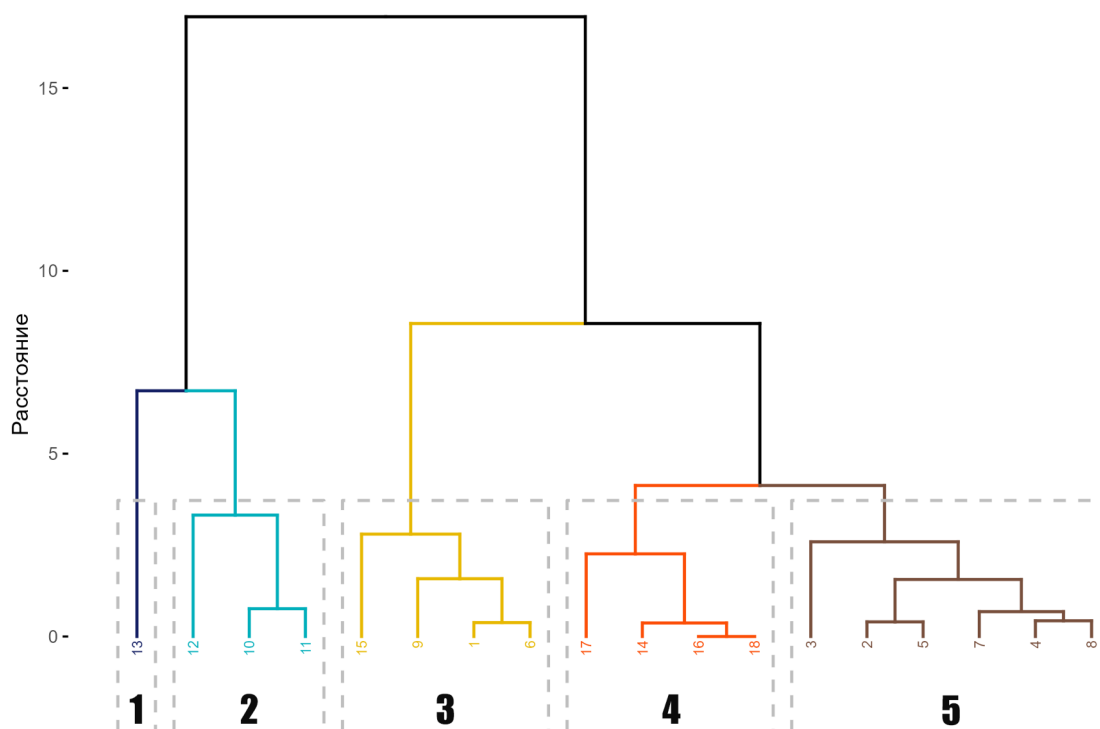


Рисунок 2 - Дендрограмма сходства хозяйств по качеству генеалогической информации

Обособленный кластер составило хозяйство №13, характеризующееся экстремально высоким уровнем пропусков, в то время как кластеры 4 и 5 объединили хозяйства с наиболее качественными генеалогическими данными. Анализ показал, что лишь ограниченное число предприятий уделяет должное внимание ведению и актуализации племенного учета, что по-

тенциально снижает точность оценки племенной ценности животных и эффективность селекционных программ.

Детальный анализ генеалогических деревьев позволил идентифицировать ряд систематических ошибок и манипуляций с данными, включая заикливание и дублирование записей, способные исказить информацию о родственных связях и смещать оценку племенной ценности. В отдельных случаях выявлены признаки преднамеренного искажения данных, например, присвоение одной корове непропорционально большого количества потомков (до 64).

Разработанные в ходе исследования инструменты (единая база данных, алгоритмы визуализации и анализа) позволили не только выявить и классифицировать существующие проблемы в генеалогических данных в регионе, но и предложить пути их исправления и автоматизации процессов ведения племенного учета. Результаты работы подчеркивают необходимость совершенствования систем сбора и обработки генеалогической информации в племенном животноводстве для повышения эффективности селекции и сохранения генетического потенциала популяций.

### **3.1.2 Генеалогическая структура чёрно-пёстрого скота Западной Сибири**

Анализ генеалогической структуры чёрно-пёстрого скота Западной Сибири выявил интенсивное использование ограниченного числа быков-производителей, преимущественно голштинской породы североамериканской селекции. Исследование распределения потомства продемонстрировало дисбаланс в использовании генетических ресурсов, характеризующийся преобладанием импортного материала.

Доминирующими генеалогическими линиями в региональной популяции оказались Рефлекшн Соверинг и Вис Бэк Айдиал, что соответствует их глобальному влиянию. В рамках линии Рефлекшн Соверинг наиболее распространены потомки быков SOCRATES, BOLIVER, PLANET и SUPER, известных своим положительным влиянием на молочную продуктивность и экстерьер. Линия Вис Бэк Айдиал представлена преимущественно потомством DORCY и MAN-O-MAN, также высоко ценимых за продуктивные и хозяйственно-полезные качества.

Анализ распределения потомства показал, что на долю быков линии Вис Бэк Айдиал приходится наибольшая доля потомков (до 13,82% от общего числа проанализированных животных, для DORCY), за которыми следуют представители линии Рефлекшн Соверинг (до 5,75% для SOCRATES). Линия Монтвик Чифтейн, хотя и была представлена меньшим числом потомков (1,16% для DURHAM), также вносит вклад в генеалогическую структуру, характеризуясь заметным значением EFI (Expected Future Inbreeding) – до 6,6%. Такое распределение, наряду с доминированием указанных линий, подчеркивает многокомпонентность генеалогической структуры популяции, но при этом интенсивное использование ограниченного числа относительно неродственных производителей указывает на потенциальные риски для генетического разнообразия в долгосрочной перспективе.

Выявленное явление ретроспективной дискретизации генеалогической структуры, когда в роли предков третьего поколения встречаются представители разных генераций, отражает разнообразие селекционных стратегий, применяемых в хозяйствах региона – от преимущественного использования молодых геномно оцененных быков до отбора производителей с большим массивом оцененного потомства.

### **3.1.3 Роль отцовских предков в формировании генеалогической структуры маточного поголовья Западной Сибири**

Установлена высокая степень зависимости от ограниченного пула быков, практически полностью представленных зарубежным генофондом голштинской породы. В то время как интенсивное использование выдающихся импортных производителей, таких как BLUE-HORIZON ALTASUPLEX, обеспечивает быстрый генетический прогресс, анализ топ-20 списков для коров и ремонтного молодняка выявляет критически важное упущение: отсутствие в числе лидеров быков отечественной селекции во втором и последующих поколениях. Отсутствие конкурентоспособных отечественных генеалогических родственных групп, является серьезным вызовом для отечественной племенной работы.

### **3.2 Валидация данных первичного цифрового учёта на примере признаков молочной продуктивности предприятия**

В рамках валидации данных первичного цифрового учета молочной продуктивности установлен ряд ключевых аспектов. Анализ исходного цифрового материала выявил значительные отклонения от приемлемых значений для ряда признаков, что подчеркивает необходимость предварительной обработки данных. Применение фильтрации по репродуктивным признакам позволило выделить животных в пределах приемлемых границ варьирования и улучшить качество данных, что подтверждается снижением критерия Андерсона-Дарлингга. Визуализация распределений признаков молочной продуктивности (массовая доля молочного жира и удой за 305 дней лактации) выявила отклонения от нормального распределения, что акцентирует важность статистического контроля качества данных.

### **3.3 Валидация входных данных первичного цифрового учёта на примере признаков молочной продуктивности зарубежного происхождения**

Валидация данных международной базы CDN с применением кластерного и многомерного анализа подтвердила их валидность для проведения международных сопоставлений и бенчмаркинга в молочном скотоводстве. Результаты кластеризации выявили значительную дифференциацию стран по признакам молочной продуктивности голштинского скота, разделив их на три основных кластера, различающихся по уровню продуктивности и селекционным стратегиям. Первый кластер (Ирландия, Новая Зеландия) характеризуется акцентом на относительные показатели качества молока при более низких абсолютных значениях продуктивности. Второй кластер (Швейцария, Финляндия, Швеция, Уругвай, Беларусь, Россия) демонстрирует более сбалансированный подход к селекции, который ориентирован не только на удой, но и на другие признаки, такие как адаптивность и здоровье животных. Третий кластер, включающий лидеров (США, Нидерланды и др.), отличается наивысшими показателями молочной продуктивности, но и выраженной дифференциацией внутри кластера.

Проведенный анализ наглядно (рисунок 3) демонстрирует эффективность применения методов многомерного статистического анализа для валидации больших массивов данных из зарубежных источников и их использования для сравнительной оценки генетического потенциала и селекционных стратегий в мировом молочном скотоводстве.

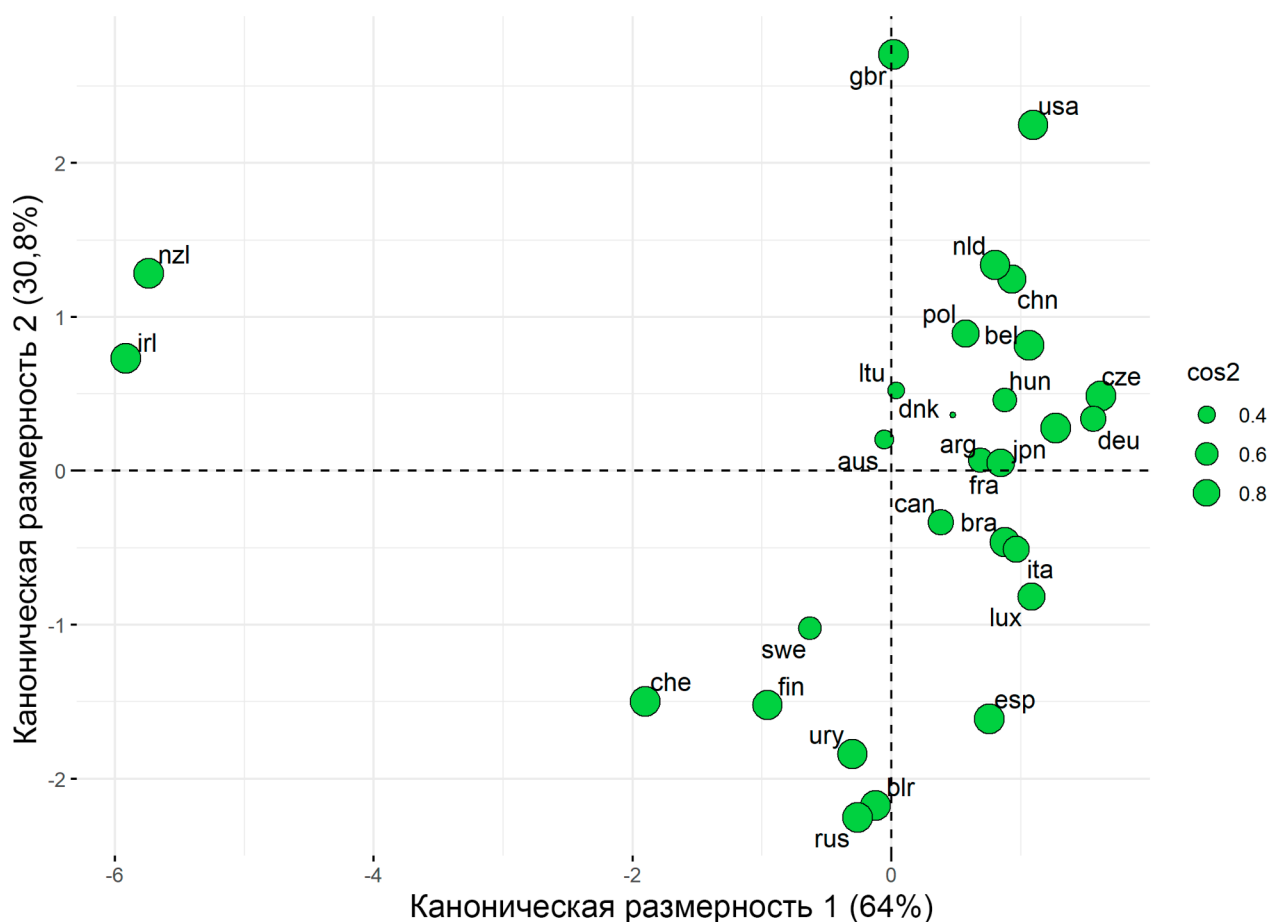


Рисунок 3 - Распределение стран по признакам молочной продуктивности в пространстве главных компонент (использована стандартная международная аббревиатура стран ISO 3166-1 alpha-3)

Полученные результаты не только подтверждают валидность данных CDN для международных сопоставлений, но и могут быть использованы в дальнейших исследованиях, направленных на совершенствование селекционно-племенной работы с чёрно-пёстрым скотом Западной Сибири с учётом мировых тенденций и региональных особенностей. Таким образом, валидация данных CDN обеспечивает надёжную основу для разработки селекционных программ, адаптированных к специфическим хозяйственным условиям различных регионов, включая Сибирь.

### 3.4 Роль паратипических факторов в изменчивости удоя региональной субпопуляции черно-пёстрого скота

Моделирование изменчивости удоя с использованием смешанных регрессионных моделей показало значимую роль как фиксированных (год и сезон отёла/запуска), так и случайных эффектов (идентификационные данные животного, отец, лактация, возраст). Наибольшее влияние на изменчивость удоя оказывают факторы «Год отёла» и «Сезон отёла». Разработанная модель продемонстрировала высокую точность прогноза ( $R^2=0,819$ ), что подтверждается регрессионной зависимостью эмпирических и прогнозируемых значений (рисунок 4).

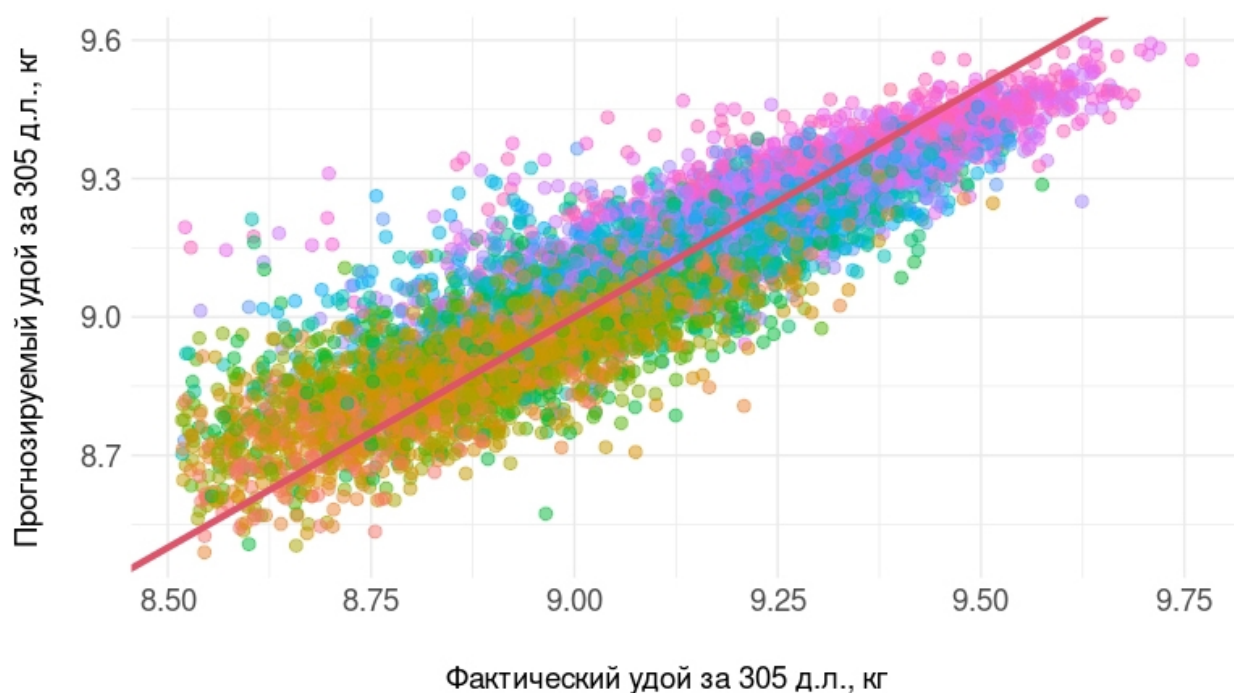


Рисунок 4 — Ретроспективная регрессионная зависимость эмпирических и прогнозируемых значений удоя

Полученная модель может быть использована для прогнозирования удоя и оценки племенной ценности животных в ретроспективном аспекте и представлена формулой:

$$\text{Удой} = \text{ГО} + \text{ГЗ} + \text{СО} + \text{СЗ} + \text{СО} : \text{ГО} + \text{ГЗ} : \text{СЗ} + \text{ГО} : \text{ГЗ} + \text{СО} : \text{СЗ} + (1 | \text{ID}) + (1 | \text{Лактация}) + (1 | \text{В1ПО}) + (1 | \text{В1ОТ}) + (1 | \text{О}),$$

где: ГО — год отёла, ГЗ — год запуска, СО — сезон отёла, СЗ — сезон запуска, ID — уникальный идентификатор животного, В1ПО — возраст первого плодотворного осеменения, В1ОТ — возраст первого отёла, О — отец.

Оценка модели выявила ее высокую прогностическую способность на тестовой выборке с новыми градациями случайных факторов. Это подтверждается высокими коэффициентами корреляции Пирсона ( $r = 0,905 \pm 0,005$ ;  $R^2 = 0,819$ ), Спирмена ( $\rho = 0,903 \pm 0,005$ ;  $R^2 = 0,815$ ) и Кендалла ( $\tau = 0,734 \pm 0,006$ ;  $R^2 = 0,539$ ) между прогнозируемыми и наблюдаемыми уровнями удоя. Заниженное значение  $R^2$  для коэффициента Кендалла указывает на вероятное влияние выбросов, наличие которых предполагается в исходном массиве данных в разрезе формируемых в рамках модели уровней факторов, включая их взаимодействие.

### 3.5 Генетическая структура популяции по STR-локусам

Анализ генетической структуры чёрно-пёстрого скота Западной Сибири с использованием микросателлитных профилей выявил высокий уровень полиморфизма и генетического разнообразия (таблица 1). Из 12 локусов стандартной панели ISAG, углубленный анализ которых представлен в автореферате, выявлено 47 аллельных вариантов. Наиболее полиморфными оказались локусы TGLA122, TGLA227 и TGLA53, демонстрирующие наибольшее ко-

личество аллелей и высокий уровень полиморфизма, в то время как локус SPS115 показал наименьшее разнообразие.

Таблица 1 - Генетическая изменчивость чёрно-пёстрого скота Западной Сибири (n = 10228 гол.)

Локус	Na	Ho	He	Fis	Ne	I	D	$\chi^2$	p	p (F)
BM1818	3	0,584	0,570	-0,025	2,325	0,922	0,570	17,29	0,003	0,041
BM1824	4	0,723	0,693	-0,044	3,257	1,282	0,693	61,58	< 0,05	< 0,05
BM2113	4	0,771	0,736	-0,048	3,781	1,355	0,736	85,91	< 0,05	< 0,05
ETH10	4	0,667	0,630	-0,059	2,700	1,147	0,630	56,68	< 0,05	< 0,05
ETH225	3	0,593	0,593	-0,001	2,454	0,966	0,593	1,06	0,957	0,982
ETH3	3	0,567	0,521	-0,087	2,088	0,893	0,521	46,76	< 0,05	< 0,05
INRA023	4	0,744	0,725	-0,026	3,635	1,330	0,725	23,51	< 0,05	< 0,05
SPS115	2	0,339	0,330	-0,027	1,492	0,512	0,330	5,62	0,059	0,148
TGLA122	6	0,802	0,767	-0,046	4,294	1,612	0,767	104,3	< 0,005	< 0,05
TGLA126	3	0,563	0,546	-0,030	2,205	0,882	0,546	12,13	0,03	0,154
TGLA227	6	0,833	0,788	-0,058	4,710	1,649	0,788	124,9	< 0,05	< 0,05
TGLA53	5	0,611	0,759	0,195	4,144	1,513	0,759	183,6	< 0,05	< 0,05
$\bar{x} \pm s \bar{x}$	-	0,65 $\pm 0,04$	0,64 $\pm 0,04$	-0,02 $\pm 0,02$	3,09 $\pm 0,29$	1,17 $\pm 0,1$	0,64 $\pm 0,04$	-	-	-

Примечание: Na - число аллелей на локус; Ho - наблюдаемая гетерозиготность; He - ожидаемая гетерозиготность; Fis - индекс фиксации Райта; Ne - число эффективных аллелей на локус; I - индекс Шеннона; D - индекс Симпсона.

Распределение частот аллелей варьировало между локусами (рисунок 5), демонстрируя как локусы с выраженным преобладанием одного аллеля (например, SPS115), так и с более равномерным распределением частот аллелей (например, TGLA227, TGLA53). Встречаемость аллелей существенно различалась, от 0,054 до 0,791, что указывает на значительную генетическую гетерогенность исследуемой популяции голштинского скота.

Оценка генетической изменчивости по 12 локусам (таблица 1) выявила среднее значение числа эффективных аллелей (Ne)  $3,09 \pm 0,29$ , что подтверждает высокий уровень генетического разнообразия. Локусы TGLA227, TGLA122 и TGLA53 характеризовались наибольшим числом эффективных аллелей ( $Ne > 4$ ), в то время как SPS115 – наименьшим ( $Ne = 1,49$ ).

Однако, для ряда локусов (ETH3, TGLA122, TGLA227, TGLA53) наблюдались значимые отклонения от равновесия, что может быть обусловлено действием различных факторов, включая отбор и генетический дрейф. Результаты исследования свидетельствуют о высоком генетическом разнообразии популяции чёрно-пёстрого скота Западной Сибири, что является благоприятным фактором для адаптивного потенциала и возможностей селекции, но также указывают на необходимость дальнейшего изучения факторов, влияющих на генетическую структуру популяции и отклонения от равновесия Харди-Вайнберга по отдельным локусам.

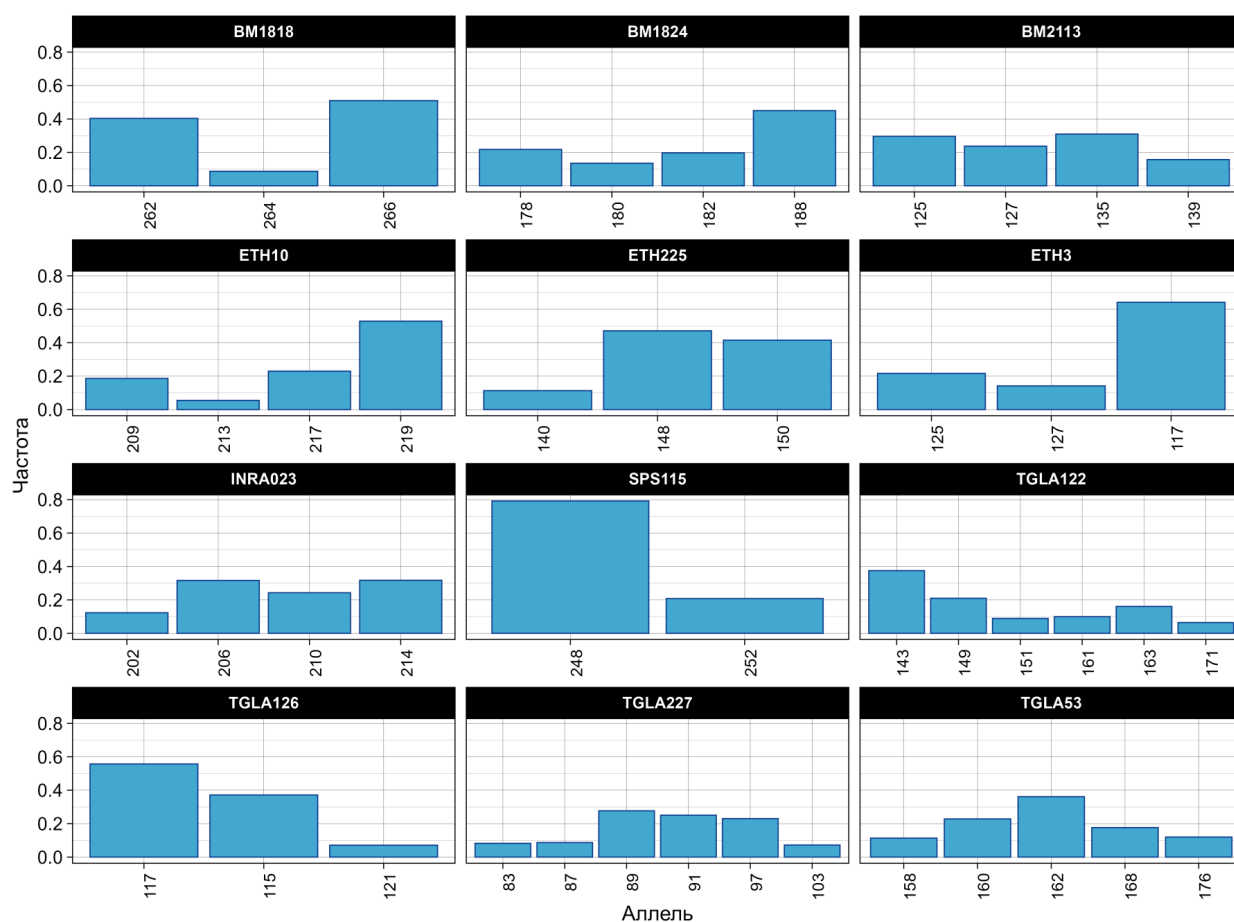


Рисунок 5 - Частота аллелей по микросателлитным локусам

Сопоставление наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности (рисунок 6) выявило близость средних значений  $H_o$  и  $H_e$  ( $0,64 \pm 0,03$  и  $0,65 \pm 0,03$ , соответственно), указывающую на состояние, близкое к равновесию Харди-Вайнберга в популяции в целом.

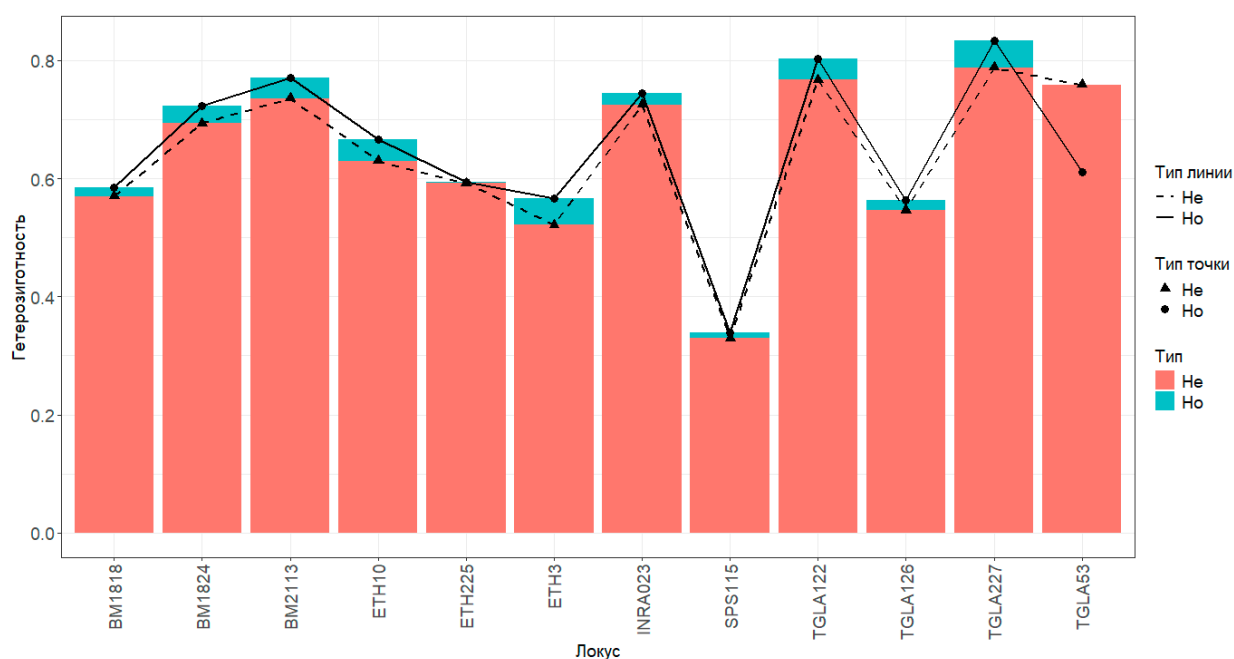


Рисунок 6 - Сравнение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности

### 3.6 Кластеризация предприятий по используемым быкам и микросателлитам

Проведенная кластеризация племенных предприятий Западной Сибири выявила структуру генетических связей между хозяйствами (рисунок 7), основанную на анализе сходства по используемым быкам-производителям и генетическому сходству популяций скота по микросателлитным локусам.

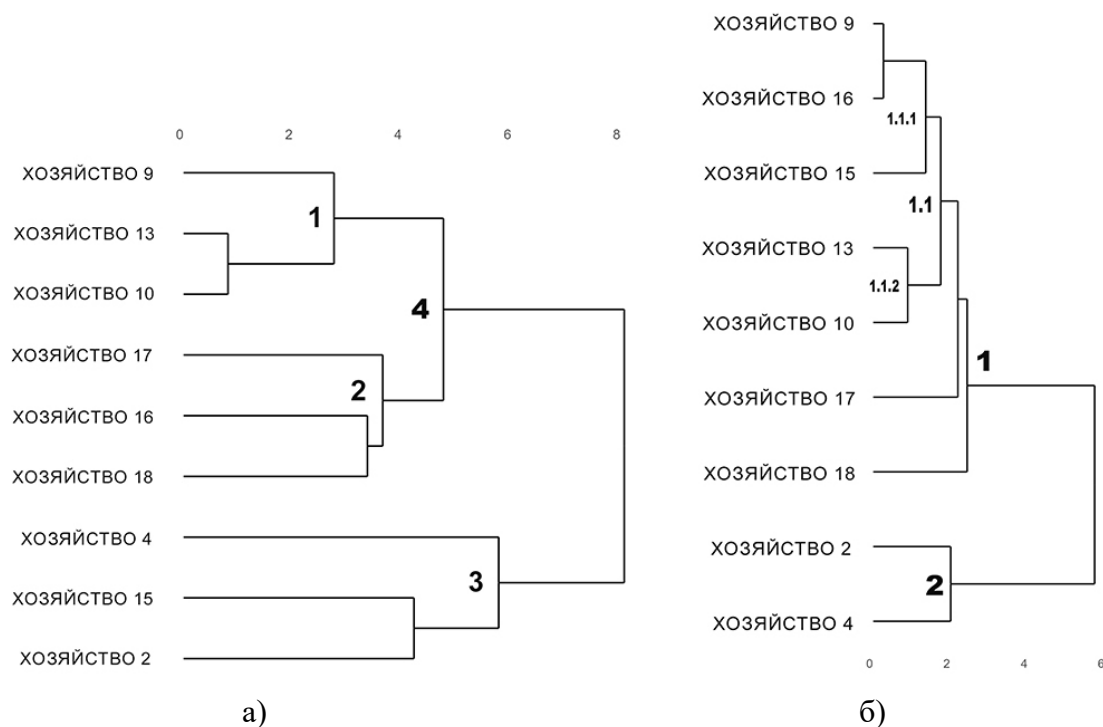


Рисунок 7 — Кластеризация предприятий: а - по использованию схожих быков (дистанция Канберра, метод «дальнего соседа»); б) по генетическому сходству на основе микросателлитов (дистанция Нея, метод Варда)

Кластеризация предприятий по сходству использования быков позволила выделить группы хозяйств, демонстрирующих общие стратегии племенной работы и источники приобретения племенного материала. Были идентифицированы группы, отражающие хозяйства с едиными селекционными подходами и общими источниками племенного материала, а также кластер, указывающий на наличие лидирующего предприятия, задающего тренды в регионе, и группа, выделяющая предприятия с собственной, отличной от других, стратегией племенной работы. Кластеризация наглядно демонстрирует структуру генетических связей, обусловленную современными племенными практиками и обменом генетическим материалом между хозяйствами.

Сравнение хозяйств по генетическому сходству, основанная на микросателлитном профиле, выявило разделение предприятий на две основные группы на высоком уровне иерархии, отражая более глубокие исторические взаимосвязи между популяциями скота. Наблюдается определенная корреляция между кластеризацией по используемым быкам и генетическим сходством, подтверждая влияние современных программ селекции на генетическую структуру популяций. Однако выявлены и расхождения, указывающие на то, что генетическое сходство популяций не всегда полностью определяется текущими селекционными программами, и на него также могут влиять исторические факторы и популяционная структура.



Данный тип кластеризации выявляет популяции с уникальным генофондом, представляющие ценный источник генетического разнообразия.

В целом, результаты анализа демонстрируют сложную картину взаимосвязей между племенными предприятиями Западной Сибири, обусловленную как современными племенными практиками, так и более глубокими историческими и биологическими факторами, формирующими генетическую структуру региональной популяции. Информация о генетической структуре популяций важна для разработки научно обоснованных рекомендаций по обмену племенным материалом между хозяйствами и оптимизации селекционных программ.

### **3.7 Генетическая структура популяции по SNP-локусам, ассоциированным с признаками молочной продуктивности**

Анализ генетической изменчивости популяции черно-пестрого скота по 64 SNP-локусам, ассоциированным с признаками молочной продуктивности согласно данным литературы выявил существенную вариабельность между исследованными SNP. Частота минорного аллеля (MAF) варьирует в широком диапазоне: от 0,06 (ARS-BFGL-NGS-107749) до 0,5 (ARS-BFGL-NGS-71395), что свидетельствует о наличии в популяции как редких генетических вариантов, так и более распространенных полиморфизмов. Для большинства SNP значение MAF находилось в диапазоне от 0,15 до 0,30, что может указывать на адаптивную роль данных полиморфизмов или нейтральность по отношению к давлению искусственного отбора.

Наличие нескольких однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) с частотой минорного аллеля (MAF), приближающейся к 0,5 свидетельствует о потенциальном влиянии балансирующего отбора на поддержание генетического разнообразия в исследуемой популяции. Это может быть обусловлено диверсифицирующим отбором в гетерогенной среде, где разные аллели предоставляют преимущества в различных условиях. Это особенно актуально для популяций, обитающих в условиях переменчивой среды, где разные генотипы могут быть более адаптивными в процессе онтогенеза и условиях среды. Для подтверждения гипотез о балансирующем и диверсифицирующем отборе необходимы дальнейшие исследования, включающие анализ функционального воздействия данных SNP на фенотип, проведение полногеномного поиска ассоциаций (GWAS) для выявления связей с хозяйственно-полезными признаками, и сравнительный анализ частот аллелей в популяциях того же вида для оценки адаптивной роли SNP. При этом важно учитывать и возможное влияние случайного генетического дрейфа, особенно в малочисленных популяциях. Комплексный анализ позволит более точно определить роль балансирующего отбора в поддержании высокой MAF для SNP (ARS-BFGL-NGS-71395 (MAF = 0,5) и Нармар30383-BTC-005848 (MAF = 0,48)) и оценить их вклад в адаптацию и генетическое разнообразие популяции чёрно-пёстрого скота Западной Сибири.

Проведено ранжированных разностей частот аллелей для 64 однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) у животных. Замечена значительная вариабельность частот аллелей. Наблюдаются как SNP с близкими значениями частот обоих аллелей (например, ARS-BFGL-NGS-71395, Нармар30383-BTC-005848), так и SNP с преобладанием одного из аллелей (например, ARS-BFGL-NGS-107749, ВTB-00411816). Такая вариабельность может отражать эволюционные процессы, влияющие на данные локусы, такие как селективное давление или генетический дрейф. SNP со схожими частотами аллелей (близкими к 0,5) могут свидетельствовать о балансирующем отборе, поддерживающем оба аллеля в популяции, в то время как

SNP с преобладанием одного аллеля могут указывать на направленный отбор или эффект бутылочного горлышка.

Для оценки генетического разнообразия популяции были рассчитаны показатели ожидаемой ( $H_e$ ) и наблюдаемой ( $H_o$ ) гетерозиготности, а также уровень полиморфизма (PIC). Среднее значение ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ) составило  $0,37 \pm 0,013$ , что свидетельствует о достаточно высоком уровне генетического разнообразия в исследуемой популяции. Наибольшее отклонение в абсолютной разности наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности выявлено для SNP BTB-00231742 и ARS-USMARC-Parent-DQ846692-rs2901028. Важно отметить, что наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o$ ) для большинства SNP соответствовала ожидаемой, что указывает на отсутствие выраженных нарушений генного равновесия (HWE) в исследуемой популяции. Это, в свою очередь, может указывать на то, что влияние направленного отбора на эти локусы не является доминирующим и генетическая структура популяции в отношении этих SNP достаточно стабильна. Для двух SNP установлены некоторые отклонения от равновесия, о чем свидетельствуют низкие значения  $p$ , например, для BTB-00231742 ( $p = 0,037$ ) и BTB-01766447 ( $p = 0,047$ ). Это может быть связано с селективным преимуществом гетерозигот, явлением, известным как сверхдоминирование, когда гетерозиготы имеют более высокую приспособленность по сравнению с гомозиготами.

Чтобы снизить вероятность ложноположительных результатов была сделана корректировка на множественное тестирование. В исследованиях с большим количеством SNP корректировка практически обязательна. Для этих целей была использована поправка Бонферрони, что позволило принять порог значимости на уровне 0,0007. Все  $p$  в таблице больше 0,0007, поэтому с учетом данной поправки ни один из SNP не показывает статистически значимого отклонения от HWE.

Уровень полиморфизма (PIC) варьировал от 0,1 до 0,38, при среднем значении  $0,29 \pm 0,008$ . Было осуществлено деление на три группы по уровню полиморфизма с низким ( $PIC < 0,25$ ), средним ( $0,25 \leq PIC \leq 0,5$ ) и высоким ( $PIC > 0,5$ ) уровнями. В результате такого деления из 64 SNP – 14 вошли в группу с низким уровнем полиморфизма, 50 со средним, в группу с высоким ни один SNP не вошел. Это подтверждает то обстоятельство, что в целом уровень полиморфизма в исследуемой популяции скорее средний, чем высокий. Достаточно низкое значение стандартной ошибки (0,008) говорит о том, что значения PIC распределены относительно равномерно вокруг среднего значения.

Наблюдаемые пределы варьирования PIC могут быть обусловлены несколькими факторами, связанными с историей формирования изучаемой популяции и, как следствие, её генетической структурой. Одним из таких факторов можно считать эффект бутылочного горлышка или эффект основателя, что привело к утрате редких аллелей и снижению генетической изменчивости. Селекционное давление, будь то отбор против вредных мутаций или направленная селекция по определенным признакам, также может снизить вариабельность в аллельных частотах или частотах генотипов связанных локусов и, следовательно, PIC. Инбридинг, распространенный в некоторых популяциях, увеличивает гомозиготность и уменьшает гетерозиготность, что непосредственно влияет на снижение PIC. Наконец, некоторые участки генома могут быть изначально менее полиморфными из-за функциональных ограничений или других локус-специфических факторов, что также может внести свой вклад в наблюдаемый диапазон значений PIC. Важно учитывать все эти факторы при интерпретации результатов и планировании дальнейших исследований. Анализ значений генетического

разнообразие Нэя (DG) показывает, что исследованные SNP демонстрируют достаточно высокий его уровень (от 0,1 до 0,5). Наличие SNP как с низким, так и с высоким значением GD подчеркивает сложную генетическую структуру чёрно-пёстрого скота Западной Сибири. Среднее значение GD  $0,37 \pm 0,013$  указывает на "умеренный" уровень генетического разнообразия в исследованной популяции в целом.

Рассматривая гены, ближайшие к исследуемым SNP, можно говорить о потенциальных механизмах влияния генетических вариантов на молочную продуктивность. Например, SNP ARS-BFGL-NGS-4939 расположен рядом с геном DGAT1 (диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1), ассоциированный с различными признаками молочной продуктивности, такими как выход жира, удой, процент жира и процент белка. Он играет ключевую роль в синтезе триацилглицеридов, основных компонентов молочного жира. Вариации в этом гене, отраженные через полиморфизм SNP ARS-BFGL-NGS-4939, по всей видимости, могут влиять на эффективность синтеза молочного жира и, следовательно, на жирномолочность скота. Интересным представляется и тот факт, что по данному SNP демонстрируется относительно высокое значение GD (0,44) и PIC (0,34), что делает его потенциально важным маркером для селекции по признакам жирномолочности в данной популяции.

Другие SNP также ассоциированы с генами, чьи функции связывают с молочной продуктивностью. Так, SNP ARS-BFGL-NGS-100459 расположен рядом с геном ABCG8 (ATP-binding cassette sub-family G member 8), который имеет ассоциацию с массовой долей жира и белка в молоке. Гены семейства ABC (ATP-binding cassette) часто участвуют в транспорте различных молекул через клеточные мембраны. В контексте молочной продуктивности, ABCG8 может быть вовлечен в транспорт липидов или других компонентов молока в молочную железу. SNP ARS-BFGL-NGS-71395 ассоциирован с геном SLC24A2 (Solute Carrier Family 24 Member 2), который также связан с молочной продуктивностью. Гены семейства SLC кодируют белки-переносчики растворенных веществ. SLC24A2 играет роль в транспорте ионов или других молекул, важных для секреции молока или в поддержании осмотического давления в молочной железе. SNP ARS-BFGL-NGS-11319 связан с геном SLC40A1 (Solute Carrier Family 40 Member 1), который также ассоциирован с молочной продуктивностью. SLC40A1, известный как ферропортин, играет ключевую роль в транспорте железа из клеток. Хотя связь железа с молочной продуктивностью может показаться неочевидной, железо необходимо для многих метаболических процессов, включая синтез белков и липидов, которые являются важными компонентами молока.

Анализ генетической структуры популяции чёрно-пёстрого скота Сибири по SNP-локусам, ассоциированным с признаками молочной продуктивности, выявил умеренный уровень генетического разнообразия и наличие SNP, потенциально связанных с генами, влияющими на течение обменных процессов организма и, как следствие, молочной продуктивностью. Дальнейшие исследования с использованием более широкого спектра геномных данных и интеграция с фенотипическими данными позволят углубить понимание генетической архитектуры молочной продуктивности и разработать эффективные стратегии геномной селекции для чёрно-пёстрого скота Западной Сибири.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В настоящей диссертационной работе впервые проведено комплексное региональное исследование генеалогической и генетической структуры чёрно-пёстрого скота Западной Си-

бири, целенаправленно ориентированное на разработку научно-обоснованных основ для региональных программ крупномасштабной селекции. Для достижения поставленной цели был реализован принципиально новый подход, основанный на верификации и валидации данных первичного зоотехнического учета для получения несмещенных оценок и применении современных методов биоинформатики и математического моделирования. Ключевые выводы, полученные в ходе исследования, заключаются в следующем:

1. Разработана и практически внедрена уникальная методология верификации и валидации данных первичного зоотехнического учета, включающая многоступенчатые алгоритмы цифровой идентификации животных, методы многомерной статистики и сопоставление с международными базами данных. Особенность методологии заключается в комплексном подходе к обеспечению несмещенной оценки исходной информации, что позволило выявить и устранить критические ошибки в генеалогических базах данных племенных предприятий и повысить согласованность фенотипических сведений.

2. Выявлена значительная межхозяйственная вариабельность качества генеалогических данных в регионе, указывающая на децентрализацию племенного учета и дискретизацию региональной генеалогической информации. Это затрудняет получение комплексного несмещенного представления о генетической структуре популяции. Ранжирование хозяйств по качеству генеалогической информации позволило дифференцировать подходы к внедрению разработанной методологии верификации и валидации данных, ориентируясь на специфические потребности и уровень цифровизации региональных предприятий. Это позволяет формировать региональную популяцию скота с достаточным генеалогическим разнообразием для снижения негативных последствий возможного инбридинга.

3. Установлен высокий уровень генетического разнообразия чёрно-пёстрого скота Западной Сибири по STR-локусам микросателлитов на основе несмещенных генетических данных. Это свидетельствует о сохранении ценного генетического потенциала и адаптивности региональной популяции, несмотря на длительный процесс голштинизации. Выявленные отклонения от равновесия Харди-Вайнберга для ряда локусов (BM1824, BM2113, ETH10, ETH3, NRA023, TGLA122, TGLA227, TGLA53 и BM1818) обосновывают необходимость дальнейшего изучения региональной популяционной структуры для управления генетическим разнообразием в рамках программ крупномасштабной селекции.

4. Наблюдается умеренный уровень генетического разнообразия по SNP-локусам, ассоциированным с признаками молочной продуктивности, на основе несмещенных генетических оценок. Преобладание гомозигот и высокая частота мажорных аллелей для большинства SNP свидетельствует о селекционном давлении, направленном на увеличение молочной продуктивности. В то же время, наличие полиморфных SNP с высокой частотой минорных аллелей (rs42216771 (0,5), rs109752439 (0,48)) открывает перспективы для геномной селекции и выявления новых генетических маркеров, ассоциированных с хозяйственно-полезными признаками в региональных условиях.

5. Разработана математическая модель прогнозирования удоя чёрно-пёстрого скота Западной Сибири с учётом паратипических и генетических факторов, демонстрирующая высокую точность за счёт использования верифицированных данных первичного зоотехнического учёта. Модель позволяет количественно оценить вклад генетических и паратипических факторов (год и сезон отела, лактация, возраст, генетические особенности) в изменчивость удоя и предлагается в качестве инструмента для повышения точности несмещенной оценки

племенной ценности и оптимизации селекционных программ в рамках отечественной крупномасштабной селекции.

## ПРЕДЛОЖЕНИЯ

Результаты исследований могут быть использованы для совершенствования селекционно-племенной работы с чёрно-пёстрым скотом в племенных хозяйствах и региональных информационно-селекционных центрах Западной Сибири. На основании полученных данных и сделанных выводов, предлагается следующий комплекс мер по внедрению результатов исследования в практику молочного скотоводства региона:

1. Внедрить разработанную методологию верификации и валидации данных первичного зоотехнического учета на всех племенных предприятиях региона. Обеспечить обязательное использование разработанного программного обеспечения для систематической проверки и очистки генеалогических и фенотипических баз данных. Разработать и внедрить единые региональные стандарты ведения племенного учета, обеспечивающие полноту, достоверность и унификацию данных, собираемых на различных предприятиях.

2. Внедрить в практику племенных предприятий разработанную математическую модель прогнозирования удоя. Провести адаптацию и калибровку модели для различных хозяйственно-климатических зон Западной Сибири. Рассмотреть возможность интеграции модели в региональную информационно-аналитическую систему племенных ресурсов.

3. Рассмотреть возможность введения в регионе категориальной индексной системы оценки племенной ценности животных, при которой прогноз по признакам отбора по одному быку-производителю будет дифференцироваться в зависимости от уровня производственной культуры и хозяйственно-климатических условий конкретного предприятия. Это позволит более адекватно оценивать племенную ценность животных в различных производственных средах и повысить эффективность селекции в региональном масштабе.

## Список основных работ, опубликованных по теме диссертации в изданиях, рекомендованных ВАК

1. **Петров, А.Ф.** Генетическая структура скота сибирского отродья по микросателлитным локусам / А.Ф. Петров, Е.В. Камалдинов // Вестник НГАУ. – 2024. – №3(72). – С. 230-239
2. Камалдинов, Е.В. Оценка качества генеалогических данных в племенных предприятиях Западной Сибири / Е.В. Камалдинов, **А.Ф. Петров**, К.Н. Нарожных [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2024. – Т.107, №4. – С. 53-67.
3. Богданова, О.В. Научно-теоретическое обоснование системы совершенствования селекционно-племенной работы в молочном скотоводстве Новосибирской области / О.В. Богданова, Е.В. Камалдинов, **А.Ф. Петров** [и др.] // Вестник НГАУ. – 2023. – №2(67). – С. 149-155.
4. Камалдинов, Е.В. Достоверность данных первичного зоотехнического учёта в молочном скотоводстве / Е.В. Камалдинов, **А.Ф. Петров**, К.С. Шатохин [и др.] // Вестник НГАУ. – 2022. – Т.63, №2. – С. 76-83.
5. **Петров, А.Ф.** Роль фиксированных факторов в изменчивости удоя скота ирменского типа в условиях промышленного комплекса / А.Ф. Петров, Е.В. Камалдинов, О.В. Богданова [и др.] // Вестник НГАУ. – 2022. – №4(61). – С. 137-149.

### *свидетельство о регистрации базы данных*

6. Свидетельство о государственной регистрации базы данных №2024625179 Российская Федерация. «База данных генеалогической структуры быков голштинской породы канадского происхождения»: №2024624918 : заявл. 01.11.2024 : опубл. 14.11.2024 / **А.Ф. Петров**, Е.В. Камалдинов, К.Н. Нарожных; заявитель и правообладатель ФГБУ ВО Новосибирский ГАУ.

### *в других изданиях*

7. **Petrov, A.F.** Clustering of countries based on dairy productivity characteristics of Holstein cattle for breeding material selection / A.F. Petrov, O.V. Bogdanova, K.N. Narozhnykh [et al.] // Veterinary World. – 2024. – Vol. 17. – С. 1108-1118.

8. Kamaldinov E.V. Modelling the Variability of Milk Fat Content in Cattle / E.V. Kamaldinov, **A.F. Petrov**, U. Shergaziev [et al.] // Conference «Conference Proceedings: Global Food Forum 2021. Dialogue without borders». – Geneva: EurAsian Scientific Editions SA; Hong Kong: EurAsian Scientific Editions Ltd; Tallinn: EurAsian Scientific Editions OÜ, 2022. – P. 152-160.

9. **Петров, А.Ф.** Полиморфизм локуса BM2113 в племенных предприятиях Новосибирской и Кемеровской областей: в сборнике статей по материалам конференции / А.Ф. Петров, К.С. Шатохин // Материалы II Всероссийской научно-практической конференции «Инновационные методы и технологии повышения продуктивности в молочном животноводстве». – Барнаул: РИО Алтайского ГАУ, 2024. – С. 13-17.

10. Шатохин К.С. Генотипирование племенных предприятий Новосибирской и Кемеровской областей: в сборнике статей по материалам конференции / К.С. Шатохин, **А.Ф. Петров** // Сборник трудов научно-практической конференции преподавателей, аспирантов, магистрантов и студентов Новосибирского ГАУ, Выпуск 9 «Актуальные проблемы агропромышленного комплекса». – Новосибирск: Новосибирский ГАУ, 2024. – С. 531-534.

11. Пиметьев В.О. Связь признаков молочной продуктивности и здоровья голштинского скота с генами ASS1, SMC2, UMPS: в сборнике статей по материалам конференции / В.О. Пиметьев, К.С. Шатохин, Е.В. Камалдинов, **А.Ф. Петров** // XXIII конференция молодых ученых с международным участием «Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии». – Москва: ФГБНУ ВНИИСБ, 2023. – С. 33-34.

12. Камалдинов, Е.В. Современные проблемы животноводства: в сборнике статей по материалам конференции / Е.В. Камалдинов, **А.Ф. Петров** // Материалы Круглого стола Всероссийского семинара-совещания проректоров по научной работе вузов Минсельхоза России на тему «Роль аграрных вузов в решении задач биологизации сельского хозяйства». – Воронеж: Воронежский государственный аграрный университет им. Императора Петра I, 2021. – С. 53-55.