

Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 3. С. 149-168.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2025. Vol. 108. No. 3. P. 149-168.

Научная статья
УДК 639.212
doi:10.33284/2658-3135-108-3-149

Оценка племенной ценности сибирского осетра (*Acipenser baerii*) на основании системы генетической паспортизации

Петр Ильич Отраднов¹, Владислав Игоревич Никипелов², Амина Кумаровна Никипелова³,
Александр Юрьевич Боборыкин⁴, Анна Александровна Белоус⁵

^{1,2,3,4}Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Дубровицы, Россия

⁵Всероссийский научно-исследовательский институт интегрированного рыбоводства – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Московская область, Россия

¹deriteronard@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

²vladnikipelovvij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-6411-2454>

³nikipelova_aminavij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8248-7555>

⁴boborykin99@inbox.ru, <https://orcid.org/0009-0003-3927-480X>

⁵belousa663@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

Аннотация. В данной статье представлены результаты комплексного исследования по оценке племенной ценности особей сибирского осетра с применением генетической паспортизации и метода BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Результаты оценки показали, что учет генетического родства в BLUP-модели обеспечивает стабильность коэффициентов наследуемости в диапазоне: 0,164-0,220, независимо от объема используемых бонитировочных данных, тогда как оценки без учета родословной демонстрировали значительную вариабельность (0,036-0,595). Показано, что интеграция данных генетической паспортизации позволяет получать более надежные оценки племенной ценности с достоверностью 11,75-18,98 %, в то время как традиционный подход без учета родословной дает менее стабильные результаты (достоверность варьировала от 4,82 до 82,22 %). Полученные результаты имеют важное прикладное значение для развития селекционно-племенной работы в осетроводстве.

Ключевые слова: аквакультура, сибирский осетр, BLUP-оценка, генетическая паспортизация, племенная ценность

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР за 2025-2027 гг. ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (№ FGGN-2025-0005).

Для цитирования: Оценка племенной ценности сибирского осетра (*Acipenser baerii*) на основании системы генетической паспортизации / П.И. Отраднов, В.И. Никипелов, А.К. Никипелова, А.Ю. Боборыкин, А.А. Белоус // Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 3. С. 149-168. [Otradnov PI, Nikipelov VI, Nikipelova AK, Boborykin AYU, Belous AA. Breeding assessment of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) based on the system of genetic certification. Animal Husbandry and Fodder Production. 2025;108(3):149-168. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-3-149>

Original article

Breeding assessment of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) based on the system of genetic certification

Petr I Otradnov¹, Vladislav I Nikipelov², Amina K Nikipelova³, Alexander Yu Boborykin⁴, Anna A Belous⁵

^{1,2,3,4}Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Dubrovitsy, Russia

⁵All-Russian Scientific Research Institute of Integrated Fisheries - a branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Moscow Region, Russia

¹deriteronard@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

²vladnikipelovvij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-6411-2454>

³nikipelova_aminavij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8248-7555>

⁴boborykin99@inbox.ru, <https://orcid.org/0009-0003-3927-480X>

⁵belousa663@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

Abstract. This article presents the results of a comprehensive study on the assessment of the breeding value of Siberian sturgeons using genetic certification and the BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) method. The assessment results showed that accounting for genetic relationship in the BLUP model ensures the stability of heritability coefficients in the range of 0.164-0.220, regardless of the volume of appraisal data used, while estimates without taking into account the pedigree demonstrated significant variability (0.036-0.595). It is shown that the integration of genetic certification data allows obtaining more reliable estimates of breeding value with a reliability of 11.75-18.98%, while the traditional approach without taking into account the pedigree gives more scattered results (reliability varied from 4.82 to 82.22 %). The obtained results are of great practical importance for the development of selection and improvement of breeding stock in sturgeon farming.

Keywords: aquaculture, Siberian sturgeon, BLUP assessment, genetic certification, breeding value

Acknowledgments: the work was performed in accordance to the plan of research works for 2025-2027 LK Ernst Federal Research Center (No. FGGN-2025-0005).

For citation: Otradnov PI, Nikipelov VI, Nikipelova AK, Boborykin AYU, Belous AA. Breeding assessment of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) based on the system of genetic certification. Animal Husbandry and Fodder Production. 2025;108(3):149-168. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-3-149>

Введение.

Сибирский осетр (*Acipenser baerii*) считается перспективным объектом аквакультуры благодаря уникальному химическому составу мяса и икры. Данный вид также представляет большой интерес для программ пополнения естественных запасов, поскольку он включен в список диких популяций, находящихся под угрозой исчезновения. Сибирский осетр обладает высокой адаптивностью к различным условиям окружающей среды и разнообразным рационам питания (Волкова А.Ю. и Хуобонен М.Э., 2019). Благодаря быстрому росту при высокой плотности посадки, устойчивости к патогенам, а также производству ценной продукции, сибирский осетр стал популярным объектом товарного разведения. В последние десятилетия ведется его интенсивное выращивание, как в России, так и за рубежом (Сидорова Л.И. и др., 2024; Данилова А.П. и др., 2023).

В связи с усиленным разведением осетровых важно отметить, что традиционный метод искусственного воспроизводства предполагает смешанное оплодотворение икры от нескольких самок спермой от нескольких самцов (Козлова Н.В. и др., 2024). Этот подход направлен на минимизацию рисков, связанных с использованием некачественной спермы от одного производителя и невысоким выходом малька (от 30 %) (Горбенко Е.В. и др., 2022). Тем не менее такая практика затрудняет проведение эффективной селекции, так как возникает сложность в оценке индивидуального вклада каждого производителя в качество полученного потомства.

В целях повышения точности и ускорения селекционного процесса необходимо внедрение методов молекулярной генетики, в частности, использования микросателлитных маркеров (Глазко В.И. и др., 2023; Wenne R, 2023), которые представляют собой инструмент для выявления генетического сходства между особями, что позволяет идентифицировать происхождение особи и вести селекционную работу, опираясь на эту информацию.

Уникальные особенности генома осетровых рыб заключаются в количестве хромосом у разных видов (Shivaramu S et al., 2020). В группу полиплоидных (~240 хромосом) видов осетровых входят такие представители как: русский осетр (*A. gueldenstaedtii*), сибирский осетр (*A. baerii*), персидский осетр (*A. persicus*), амурский (*A. schrenskii*) и сахалинский (*A. mikadoi*) осетры. Помимо размеров генома, они также характеризуются тетрасомным характером наследования, то есть у каждой хромосомы – четыре копии (Мюге Н.С. и Барминцева А.Е., 2020; Cui X et al., 2022). С этой особенностью связан специфический подход к выявлению коэффициентов генетического сходства и определению достоверности происхождения особей, разработанный и апробированный в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ в 2024 году (Бардуков Н.В. и др., 2024).

На сегодняшний день в отраслях животноводства с развитым методологическим аппаратом (молочное скотоводство, овцеводство, свиноводство) высокую результативность при оценке животных по собственной продуктивности доказал метод наилучшего линейного несмещенного прогноза (Best Linear Unbiased Prediction, BLUP) (Игнатьева Л. П. и Сермягин А.А., 2021; Мещеров Р.К. и др., 2022; Хайнацкий В.Ю., 2021). Включение в BLUP-модель данных о родстве, полученных с помощью микросателлитного анализа, позволяет учесть генетическую неоднородность популяции, что может существенно повысить точность оценки племенной ценности производителей сибирского осетра. Это позволит более эффективно отбирать лучших особей и прогнозировать экономически значимые характеристики их потомства, такие, как скорость роста. Так, при оценке племенной ценности, основанной исключительно на результатах измерений собственной продуктивности, эффект "животное" в BLUP-модели учитывает индивидуальные различия, но не отражает родственные связи, что снижает точность и релевантность результатов.

Предположительно, сочетание данных о продуктивности на разных этапах роста и развития с данными о родстве позволит внести дополнительную компоненту в BLUP-оценку (Карташова А.П. и Фирсова Э.В., 2022; Карымсаков Т.Н. и Насамбаев Е.Г., 2021). Это может значительно увеличить сходимость результатов, получаемых на основании использования данных, собранных как на ранних, так и на более поздних этапах роста и развития особей (Отрадных П.И. и др., 2023).

Цель исследования.

Разработка и апробация комплексного подхода к оценке племенной ценности сибирского осетра на основе интеграции методов молекулярно-генетического анализа и методологии BLUP.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Особи сибирского осетра ленской популяции (генерация – апрель 2022 года) возрастом 2 года 11 месяцев.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Экспериментальное стадо сибирского осетра содержалось в условиях установки замкнутого водоснабжения на базе ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. В исследовании были использованы данные, собранные в ходе пяти бонитировок, проходивших в следующие даты:

1-я бонитировка – 11.03.2024 (n=112)

2-я бонитировка – 25.06.2024 (n=112)

3-я бонитировка – 03.09.2024 (n=112)

4-я бонитировка – 04.12.2024 (n=112)

5-я бонитировка – 31.03.2025 (n=112)

Идентификация особей обеспечивалась за счет использования индивидуальных меток, а также проведения микросателлитного анализа. Получение генетических профилей для каждой особи сибирского осетра проводили по ранее отработанной методике, включающей восемь полиморфных STR-маркеров (*An20*, *Agu38*, *AcR13V*, *As043*, *Ag49a*, *Agu37*, *Ls19*, *Agu41*) (Бардуков Н.В. и др., 2023).

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили в конечном объеме 15 мкл. Реакционная смесь объемом 14 мкл содержала следующие компоненты: 1,5 мкл 10 X Turbo буфера (ЗАО «Евроген», Россия), 1,5 мкл 2mM раствора dNTP, 1 ед. ДНК-полимеразы Smart Taq (ЗАО «Диалат Лтд.», Россия). Рабочие концентрации праймеров находились в диапазоне от 0,1 мкл (1 пкМ/мкл) для *Agu37* и до 1,2 мкл (1 пкМ/мкл) для *As043* соответственно. Добавляли 50-100 нг исследуемой геномной ДНК и доводили до конечного объема деионизированной водой.

Протокол полимеразной цепной реакции (ПЦР) включал следующие этапы: первичная денатурация – 10 минут, +94 °C; далее – 38 циклов, включающих денатурацию (+95 °C, 30 секунд), отжиг праймеров (+58 °C, 40 секунд), элонгацию цепей ДНК (+72 °C, 35 секунд); далее – этап финальной элонгации (+72 °C, 5 минут).

Поскольку сибирский осетр является функциональным тетраплоидом (2n ~ 245 хромосом), ключевым критерием при микросателлитном анализе стало определение дозы аллелей. Дозу каждого аллеля в тетраплоидном локусе определяли по высоте пика на фореграмме (Бардуков Н.В. и др., 2023).

На основании 5 проведенных бонитировок был сформирован массив данных морфометрических признаков, а также генетических профилей для каждой особи. Оценка племенной ценности проводилась по признаку живой массы, как хозяйственно-полезной характеристике. Описательная характеристика выборки по каждой бонитировке представлена в таблице 1.

Таблица 1. Измерения живой массы (М, г) рыб в исследованной выборке по результатам каждой бонитировки
Table 1. Live weight measurements (M, g) of fish in the studied sample based on the results of each appraisal

Параметр / Parameter	Номер бонитировки / Appraisal number				
	1	2	3	4	5
M±m	2234±52	3061±66	3314±73	3755±84	4134±96
Min...Max	930...4180	1300...5440	1400...5820	1610...6630	1710...7160
C _v , %	25,27	23,51	23,91	24,51	25,31

Составление родословной на основании генетических профилей исследованных особей включало три этапа:

1. Определение коэффициентов генетического сходства образцов;
2. Определение генетических дистанций и построение филогенетического дерева выборки;
3. Формирование родословной на основании структуры филогенетического дерева.

С целью определения эффективности используемого для формирования родословной подхода, оценка племенной ценности производилась в два этапа – без учета родословной (принимая, таким образом, отсутствие какой-либо генетической неоднородности в выборке) и с учетом родословной (определяющей, в сущности, генетические кластеры внутри выборки). Каждый этап включал четыре итерации оценки племенной ценности, каждая из которых учитывала разный объем информации о животных, начиная с массива, сформированного из информации по двум бонитировкам и заканчивая совокупностью пяти.

В рамках каждого этапа проводилась валидация оценок, полученных на основании наличия всех объемов исходных данных путем выявления коэффициентов повторяемости между итерациями оценки. Помимо этого, проводилось визуальное сравнение абсолютных значений полученных результатов через построение сравнительных диаграмм.

Оборудование и технические средства. Исследования проводили на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных живот-

ных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. ПЦР выполняли на амплификаторе Thermal Cycle Simpli-Amp («Thermo Fisher Scientific, Inc», США). Фрагментный анализ проводили на генетическом анализаторе «Нанофор» (НПК «Синтол», Россия) в соответствии с инструкцией производителя.

Статистическая обработка. Первичную обработку данных генетического анализа выполняли с использованием программного обеспечения «GeneMarker» (Версия 3.0.1) («SoftGenetics, LLC», США). Генетические профили особей сибирского осетра, полученные в результате фрагментного анализа, документировали в таблице «Microsoft Excel» («Microsoft», США).

Для оценки племенной ценности использовался метод BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Предварительно для составления уравнений смешанной модели был проведен анализ средовых эффектов с использованием библиотеки lme4 языка программирования R. BLUP-оценка проводилась с использованием программ семейства BLUPF90.

Анализ проведен в двух вариантах: с учетом родословной (на основе генетических связей между особями) и без учета родословной (только на основе фенотипических данных).

Определена повторяемость между оценками, полученными с использованием данных о разном количестве бонитировок для анализа устойчивости оценок признаков во времени. Коэффициенты повторяемости рассчитывались по формуле Пирсона:

$$r_{x/y} = \frac{\sum (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x_i - \bar{x})^2 \sum (y_i - \bar{y})^2}},$$

где x_i , y_i – значения признака у i -й особи в выборках x и y ,

$\bar{x}$, $\bar{y}$ – средние значения признаков в выборках x и y .

Ввиду наличия множественных наблюдений, разделенных во времени, в модели также оценивался компонент постоянно действующих средовых эффектов (pe). Рассчитаны генетические (σ_a^2), остаточные (σ_e^2) компоненты дисперсии, а также дисперсия постоянно действующих эффектов среды (σ_{pe}^2).

Таким образом, математическая модель, используемая в расчетах, имела следующий общий вид:

$$y = X\beta + Z_a\alpha + Z_{pe}pe + e,$$

где y – вектор наблюдений,

X – матрица фиксированных эффектов,

Z_a – матрица плана рандомизированных эффектов,

Z_{pe} – матрица плана для постоянно действующих эффектов среды (усредненные наблюдения для особи по всем учтенным бонитировкам),

β – оценки фиксированных эффектов,

α – оценки рандомизированных эффектов,

pe – оценки постоянно действующего эффекта среды.

Решения уравнений смешанной модели BLUP Animal Model методом REML имели следующее матричное представление:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_a & X'Z_{pe} \\ Z_a'X & Z_a'Z_a + A^{-1}\lambda & Z_a'Z_{pe} \\ Z_{pe}'X & Z_{pe}'Z_a & Z_{pe}'Z_{pe} + I\sigma_{pe}^2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \\ \hat{pe} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_a'y \\ Z_{pe}'y \end{bmatrix},$$

где A^{-1} – обратная матрица родства,

I – единичная диагональная матрица,

$\lambda = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2}{h^2}$ – степень влияния на признак негенетических эффектов,

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{pe}^2}$ – коэффициент наследуемости,

σ_{pe}^2 – дисперсия, обусловленная постоянно действующими эффектами среды (Silveira DC et al., 2023).

На этапе оценки племенной ценности, на котором не было задействовано родословной, матрица родства A трансформировалась в единичную диагональную матрицу I , закладывая, таким образом, генетическую однородность выборки в модель.

Достоверность полученных оценок племенной ценности рассчитывалась по формуле:

$$Rel. = 100 * \left(1 - \frac{SEP^2}{VarA}\right),$$

где SEP (Standart Error of Prediction) – стандартная ошибка оценки племенной ценности, VarA – аддитивный компонент генетической вариации, вычисляемый в рамках процедуры оценки (Bermann M. et al., 2023).

В связи с использованием компонента постоянно действующих эффектов среды оценка по результатам одной бонитировки не проводилась, так как расчет влияния этого эффекта требует наличия повторяющихся наблюдений.

Для формирования матрицы родства A использовалась родословная, построенная на основании филогенетической дендрограммы. Дендрограмма строилась в экспериментальном программном средстве, написанном на языке программирования R (разработано авторами исследования). Для построения использовался метод *BioNJ*, заложенный в библиотеке *ape* (Paradis E and Schliep K, 2019). Расчет коэффициентов генетического сходства тетраплоидных геномов осетров производился в специальном программном обеспечении, разработанном в ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (свидетельство о гос. регистрации программы для ЭВМ № 2024684100 от 14.10.2024), принцип работы которого был описан в нашей более ранней публикации (Бардуков Н.В. и др., 2024). В качестве исходных данных использовались результаты мультиплексного микросателлитного анализа.

Расчет осуществлялся по формуле:

$$k_i = \frac{\sum_{j=1}^m \frac{C_{общ}}{c}}{m},$$

где i – пара особей, для которых определяется генетическое сходство,
 m – количество микросателлитных локусов в панели,
 j – номер микросателлитного локуса,
 $C_{общ.}$ – количество совпадающих вариантов j -го аллеля,
 c – совокупное количество аллельных вариантов в сравниваемых генотипах (в случае изучаемого вида – 4 позиции аллеля у каждой особи, т. е. $c=8$).

Процесс работы экспериментального программного обеспечения, разработанного для построения родословной, заключался в создании фиктивных предков («псевдо-предков») для каждого внутреннего узла дендрограммы. Каждому узлу присваивались два родителя — отец и мать, которые связывались с их потомками. Процесс повторялся для всех узлов, проходя всю структуру до реальных животных на концах дендрограммы. В результате получалась полная родословная, сформированная в виде структуры, пригодной для использования в BLUPF90.

На основании получаемой родословной рассчитывались коэффициенты генетического сходства выборки. Расчет производился по формуле Кисловского-Райта, реализованной в библиотеке *kinship2* языка программирования R:

$$F_x = \sum \left[\left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2} * (1 + f_a) \right] * 100, \%,$$

где F_x – степень родства оцениваемой пары особей с общим предком,

$\sum$ – знак суммирования,

$\frac{1}{2}$ – доля наследственного материала, получаемая от каждого предка,

n_1 – ряд общего предка в материнской части родословной,

n_2 – ряд общего предка в отцовской части родословной,

f_a – коэффициент инбридинга общего предка (при наличии информации).

Для визуализации и сравнения абсолютных значений результатов оценки племенной ценности средствами «Microsoft Excel» («Microsoft», США) были построены точечные диаграммы. Проведен сравнительный анализ между группами с родословной и без нее.

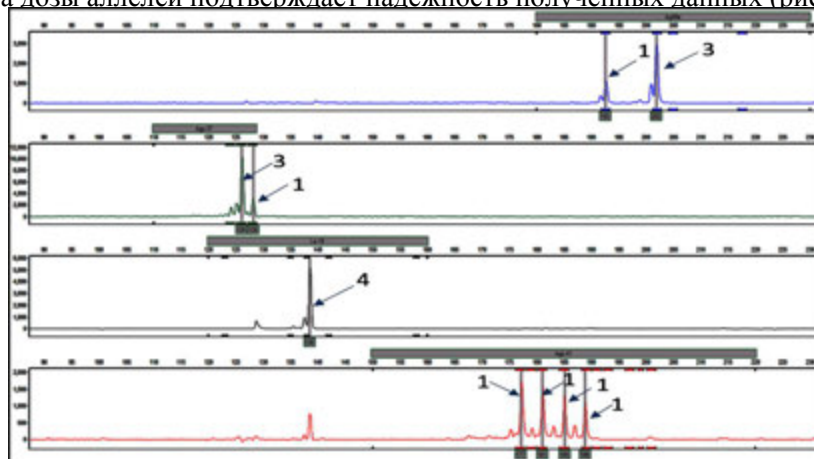
Результаты исследований.

В результате микросателлитного анализа на основе полиморфизма восьми микросателлитных локусов были получены индивидуальные генетические профили для каждой особи в изучаемой выборке сибирского осетра. Представленные в таблице данные генотипирования демонстрируют характерный для данного вида рыб тетраплоидный характер наследования, проявляющийся в наличии 4-х аллелей на локус (табл. 2).

Таблица 2. Пример генетических профилей особей сибирского осетра
 Table 2. Example of genetic profiles of Siberian sturgeon

Образец/ Sample	Индивидуальный номер/ Individual number	Локус/Locus <i>Agu38</i>				Локус/Locus <i>An20</i>			
		аллели / Alleles				аллели / Alleles			
		1	2	3	4	1	2	3	4
F_AB_1287	643093333028041	108	108	108	112	143	155	164	167
F_AB_1288	643093333028042	108	108	110	114	143	155	155	164
F_AB_1289	643093333028043	108	108	108	114	155	155	161	161
F_AB_1290	643093333028044	108	108	108	112	143	163	167	167
F_AB_1291	643093333028045	94	108	108	114	157	161	161	163
F_AB_1292	643093333028046	108	108	110	114	161	167	167	173
F_AB_1293	643093333028047	108	108	108	108	143	161	164	167
F_AB_1294	643093333028048	108	108	112	114	155	161	167	167

Применение мультиплексного ПЦР-анализа позволило идентифицировать аллельные варианты. Использование флуоресцентной детекции обеспечило точное определение размеров аллелей. Сохранение эффекта дозы аллелей подтверждает надежность полученных данных (рис. 1).

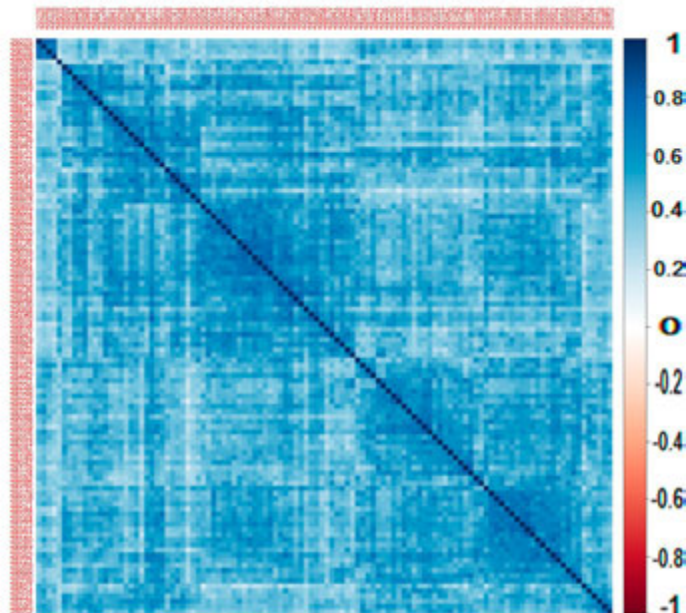


Примечание: по оси X указаны длины аллелей в парах оснований, по оси Y – сила флуоресцентного сигнала, отражающая количество синтезированного ПЦР-продукта
 Note: The X-axis shows the lengths of alleles in base pairs, the Y-axis shows the strength of the fluorescent signal, reflecting the amount of synthesized PCR product.

Рисунок 1. Пример мультиплексирования локусов с сохранением дозэффекта в панели 2: локус *Ag49a* канал FAM, локус *Agu37* канал R6G, локус *Ls19* канал TAMRA, локус *Agu41* канал ROX

Figure 1. Example of multiplexing loci with preservation of the allele dose effect: locus *Ag49a* channel FAM, locus *Agu37* channel R6G, locus *Ls19* channel TAMRA, locus *Agu41* channel ROX

В рамках исследования на основании мультиплексного микросателлитного генотипирования были рассчитаны коэффициенты генетического сходства (рис. 2).



Примечание: синим цветом обозначены значения коэффициентов генетического сходства от 0 (белый) до 1 (синий), промежуточные значения визуализированы в градациях между этими цветами. Отрицательные значения (0...-1, красный цвет) не представлены. На осях представлены идентификаторы особей.

Note: values of genetic similarity coefficients from 0 (white) to 1 (blue) are indicated in blue, with intermediate values visualized in gradients between these colors. Negative values (0 to -1, red) are not present. The axes display individual identifiers.

Рисунок 2. Коэффициенты генетического сходства исследованной выборки
Figure 2. Coefficients of genetic similarity of the studied sample

На графике представлена визуализированная в виде тепловой карты матрица генетического сходства особей в исследованной выборке. Диагональ матрицы генетического сходства представляет сходство генотипа особи с самим собой (и всегда равняется единице), промежуточные же значения расположены вне диагонали.

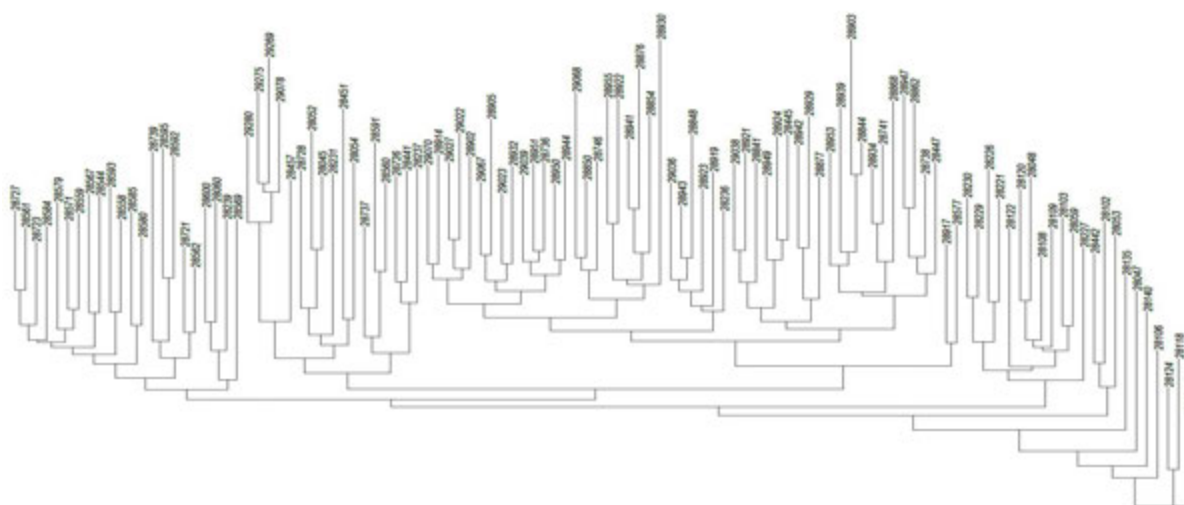
На визуализации четко видно наличие консолидации между некоторыми группами особей (более темные участки) и отсутствие сходства (более светлые участки), что свидетельствует о наличии генетической дифференциации в рамках исследуемой выборки.

На основании этих коэффициентов были рассчитаны коэффициенты генетической дистанции (величина, обратная коэффициенту генетического сходства), послужившие основой для филогенетического дерева (рис. 3).

На филогенетическом древе представлена сформированная при помощи средств библиотеки *ape* языка *R* потенциальная структура предковых форм исследованной выборки.

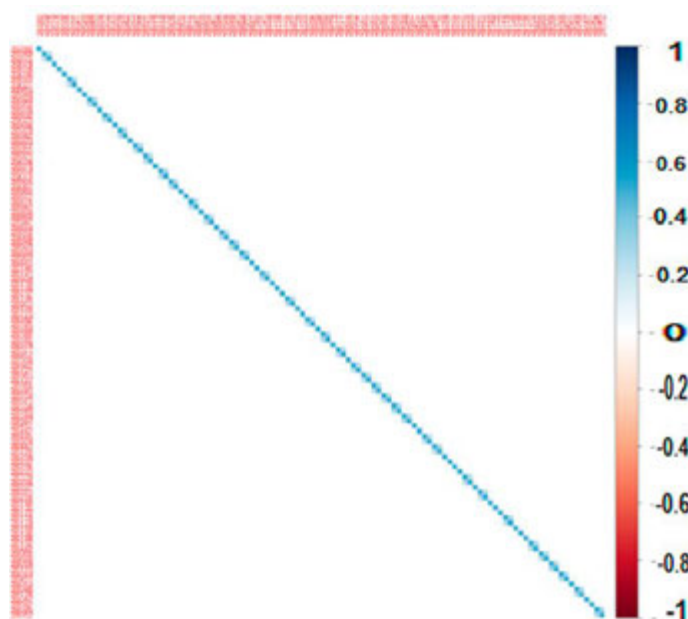
В рамках полученной дендрограммы также могут быть визуально обнаружены генетические кластеры, однако недостатком визуальной оценки является проблематичность масштабирования подобного подхода на условия промышленного разведения.

Путем обработки результатов построения филогенетического дерева была составлена псевдо-родословная с одним поколением предков. Расчет коэффициентов генетического сходства по Кисловскому-Райту позволил сформировать матрицу генетического сходства, представленную на рисунке 4.



Примечание: на концах дендрограммы представлены идентификационные номера особей выборки
 Note: identifying numbers of animals in sample are present at the edges of dendrogram

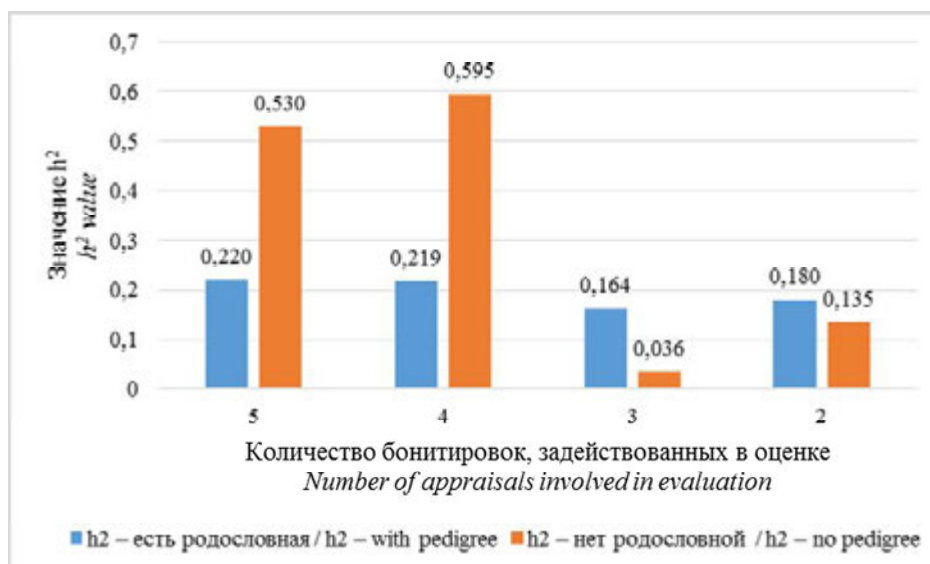
Рисунок 3. Филогенетическое древо, построенное на основании рассчитанных генетических дистанций
 Figure 3. Phylogenetic tree constructed based on calculated genetic distance



В ходе составления родословной на основе филогенетического древа были апробированы несколько вариантов количества поколений, однако проблема использования более, чем одного, заключалась в замкнутости родословной на одного общего предка, обусловленной структурой древа (рис. 3), что приводило к нивелированию влияния индивидуального генетического эффекта особей, выражавшегося в стремящемся к нулю коэффициенте наследуемости. Вероятно, подобная закономерность может быть связана с относительно небольшим размером выборки, однако этот вопрос требует дальнейшего изучения.

Исходя из представленной на рисунке 4 диаграммы видно, что полученное на основании использования одного поколения псевдо-предков соотношение родства особей между собой позволило сформировать небольшие генетические кластеры, что может быть использовано в BLUP-оценке.

В рамках исследования были определены коэффициенты наследуемости (h^2), получаемые на основании учёта разного количества бонитировочной информации. Результаты представлены на рисунке 5.



Примечание: синим цветом показаны коэффициенты наследуемости (h^2), полученные с использованием родословной (h2 – есть родословная), оранжевым – без использования родословной (h2 – нет родословной)

Note: Blue shows heritability coefficients (h^2) obtained using a pedigree (h2 – with pedigree), orange – without using a pedigree (h2 – no pedigree)

Рисунок 5. Коэффициенты наследуемости, полученные при использовании информации о разном количестве бонитировок

Figure 5. Heritability coefficients obtained using information on different numbers of appraisals

Полученные результаты свидетельствуют о том, что при использовании родословной в процедуре оценки значения коэффициента наследуемости остаются относительно стабильными (0,164...0,220) независимо от объема бонитировочных данных, что свидетельствует о надежности оценки генетической составляющей изменчивости признака. Однако для группы без родословной наблюдается резкий разброс значений (0,036...0,595), особенно заметный при уменьшении числа бонитировок.

Основные параметры полученных оценок племенной ценности представлены в таблице 3.

Полученные с учетом родословной оценки показывают стабильно низкий уровень достоверности (11,75...18,98 %) и сопоставимую вариабельность, выраженную в минимуме и максимуме значений.

Таблица 3. Описательные параметры оценок племенной ценности, полученных в ходе исследования
 Table 3. Descriptive parameters of estimated breeding values (EBV) obtained during the study

Параметр / Parameter	Количество бонитировок, использованных для оценки / Number of appraisal data used for assessment			
	2	3	4	5
Оценка с использованием родословной / Assessment with the use of pedigree				
Оценка, Min...Max, г / Es- timate, Min...Max, g	-136,21...+169,83	-135,31...+175,75	-190,46...+249,82	-202,65...+286,32
Достоверность M, Min...Max, % / Reliability, M, Min...Max, %	12,17 5,06...23,15	11,75 4,99...22,67	17,85 6,86...30,95	18,98 7,24...32,61
h ²	0,179	0,164	0,219	0,220
Оценка без использования родословной / Assessment without the use of pedigree				
Оценка, Min...Max, г / Es- timate, Min...Max, g	-85,85...+117,89	-24,91...+34,96	-435,77...+622,39	-412,15...+618,10
Достоверность, M, Min...Max, % / Reliability, M, Min...Max, %	16,88 13,31...17,15	4,82 4,44...4,89	82,22 78,77...83,17	76,66 73,88...77,43
h ²	0,135	0,036	0,595	0,530

В то же время оценки, полученные без использования родословной, демонстрируют низкий уровень достоверности (4,82...16,88 %) при использовании данных о совокупности двух-трех бонитировок и очень высокий – при использовании данных о четырех-пяти бонитировках (76,66...82,22 %). Абсолютные значения оценок за эти же пары периодов демонстрируют несопоставимую вариабельность – верхний и нижний пределы могут различаться в 17 раз (максимальное значение за 5 бонитировок – +618,10 г и максимальное значение за 3 бонитировки – +34,96 г). Это, как и различия в коэффициентах наследуемости, свидетельствует о нестабильности результатов, получаемых без учета генетической неоднородности выборки, выраженной в информации о происхождении особей.

Определение коэффициентов повторяемости оценок племенной ценности, полученных в итерациях оценки, позволило выявить сходимость результатов, представленную в таблицах 4, 5. Результаты оценки племенной ценности также визуализированы на рисунках 6, 7.

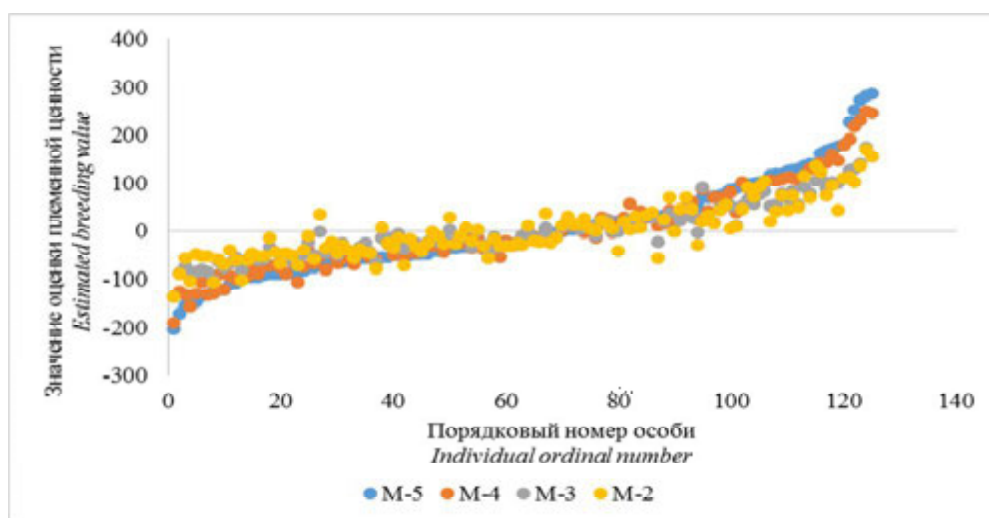
Таблица 4. Повторяемость значений оценок племенной ценности, получаемых с использованием родословной
 Table 4. Repeatability of breeding value estimates obtained using pedigree

Количество бонитировок, использованных при оценке / Number of appraisal data used for assessment	5	4	3
4	0,99		
3	0,97	0,98	
2	0,90	0,92	0,96

Таблица 5. Повторяемость значений оценок племенной ценности, получаемых без использования родословной

Table 5. Repeatability of breeding value estimates obtained without a pedigree

Количество бонитировок, использованных при оценке / Number of appraisal data used for assessment	5	4	3
4	0,99		
3	0,96	0,98	
2	0,90	0,92	0,95



Примечание: M-2...M-5 – результаты оценки признака «живая масса» по совокупности 2...5 бонитировок

Note: M-2...M-5 – stands for living weight trait's breeding value estimates obtained based on 2...5 appraisals data

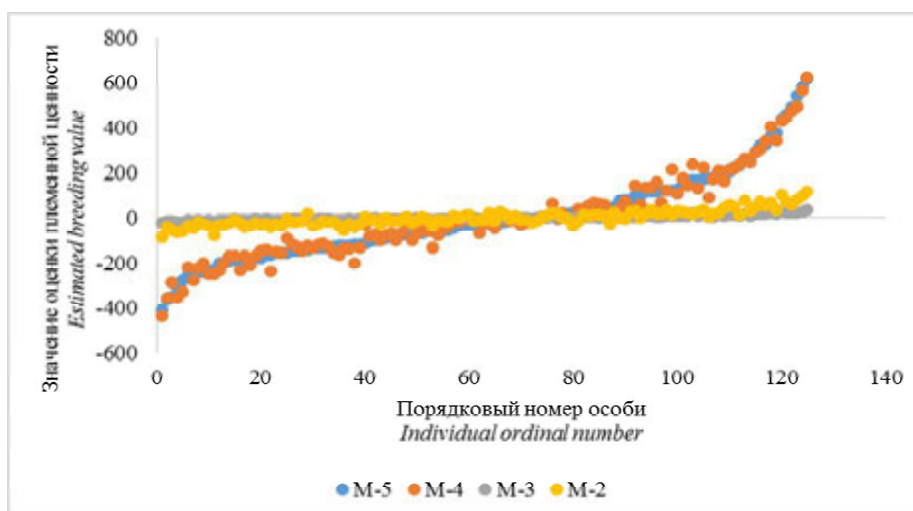
Рисунок 6. Сходимость оценок племенной ценности, полученных при использовании родословной

Figure 6. Convergence of breeding value estimates obtained using pedigree

Рассчитанные коэффициенты повторяемости по результатам смежного количества бонитировок (2-3, 3-4, 4-5) показывают постепенно возрастающие значения коэффициента повторяемости (0,96, 0,98, 0,99 соответственно). В то же время самый низкий уровень повторяемости демонстрирует пара массивов оценок, рассчитанных по результатам разнесенных во времени совокупностей измерений (2-5, $r_w = 0,90$), что также свидетельствует о высокой сопоставимости результатов.

Визуализированные данные свидетельствуют, что в наибольшей степени сошлись результаты оценки по совокупности пяти (M-5) и четырех (M-4) бонитировок. В то же время результаты оценки по трем бонитировкам (M-3), хоть и не в точности, но повторяют наблюдаемый тренд. Наибольшее количество выбросов по отношению к оценкам по пяти бонитировкам ожидаемо демонстрирует массив оценок по двум бонитировкам (M-2), однако нельзя однозначно заявить, что он выбивается из общего паттерна.

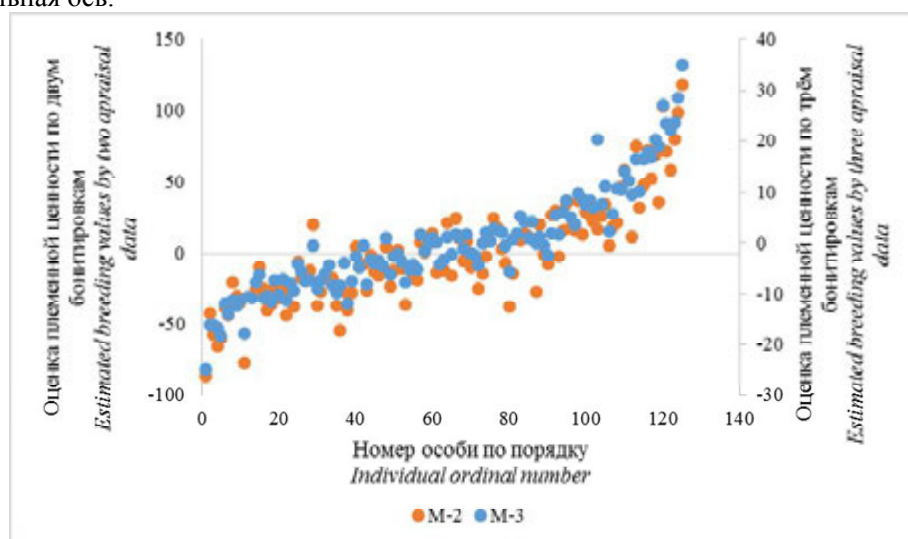
Оценки племенной ценности без учета родословной показывают практически идентичную картину повторяемости значений. Это свидетельствует о том, что, по крайней мере, на небольших выборках, BLUP-оценка по собственной продуктивности может давать релевантные результаты для ранжирования особей.



Примечание: M-2...M-5 – результаты оценки признака «живая масса» по совокупности 2...5 бонитировок
 Note: M-2...M-5 – stands for living weight trait's breeding value estimates obtained based on 2...5 appraisals data

Рисунок 7. Сходимость оценок племенной ценности, полученных без использования родословной
 Figure 7. Convergence of breeding value estimates obtained without a pedigree

Визуально результаты оценки подтверждают сделанный ранее вывод о несопоставимости вариабельности их значений, полученных на основании различного объема информации. Так, оценки по результатам 2 и 3 бонитировок, как кажется, не выявляют вариабельности вовсе, однако это связано с вариабельностью оценок по результатам 4 и 5 бонитировок. Исходя из этого, для оценок по 2 и 3 бонитировкам была проведена отдельная визуализация, представленная на рисунке 8. С целью обеспечения сравнимости результатов, для оценок по трем бонитировкам была построена вспомогательная ось.



Примечание: M-2, M-3 – результаты оценки признака «живая масса» по совокупности 2 и 3 бонитировок, соответственно

Note: M-2, M-3 – stands for living weight trait's breeding value estimates obtained based on 2 and 3 appraisals data, respectively

Рисунок 8. Сходимость оценок племенной ценности по 2 и 3 бонитировкам, полученных без использования родословной

Figure 8. Convergence of breeding value estimates for 2 and 3 appraisals obtained without using a pedigree

Наблюдаемые тенденции согласуются с данными, представленными на графике, который построен по результатам оценки с учетом родословной (рис. 6). Большая «скупенность» значений характеризует оценки по трем бонитировкам, наибольшее количество выбросов – оценки по двум бонитировкам.

Обсуждение полученных результатов.

Как отмечено в работе Калашникова А.Е. и соавторов (2022), BLUP является основным инструментом генетической оценки, использующим уравнения смешанных моделей (ММЕ) для одновременного учета фиксированных и случайных эффектов. Матрица родства (A), формируемая на основе родословной, играет ключевую роль в этих моделях, отражая генетическую вариацию выборки. В отсутствие информации о происхождении реконструкция родословной с использованием генетических маркеров становится одним из подходов, предоставляющих возможность получения такой информации. В рамках данного исследования было разработано специализированное программное средство для построения псевдо-родословной на основе филогенетического дерева, сформированного на основе генетического сходства особей. Этот подход в конечном итоге позволил сформировать матрицу родства, отражающую генетические кластеры внутри выборки, что привело к стабилизации оценок наследуемости и снижению вариабельности племенных ценностей.

Микросателлитные маркеры, использованные в данном исследовании, являются традиционным инструментом для реконструкции родословных в аквакультуре, особенно для видов с ограниченными геномными ресурсами. Например, исследование белоногой креветки (*Penaeus vannamei*) показало, что стандартизированные микросателлитные панели эффективны для управления родословными в селекционных программах (Ren S et al., 2022). Аналогично, в работе с гигантским групером (*Epinephelus lanceolatus*) микросателлиты успешно применялись для анализа родства, обеспечивая точность присвоения родительских пар до 98 % при использовании 10 локусов (Weng Z et al., 2021).

Исследования последних пяти лет демонстрируют, однако, что однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) превосходят микросателлиты по плотности, точности и стоимости генотипирования. Например, в исследовании Weng Z с коллегами (2021) сравнение микросателлитов и SNP для гигантского групера показало, что около 100 полиморфных SNP обеспечивают более высокую точность исключения и оценки родства по сравнению с микросателлитами. Эти результаты подчеркивают, что, хотя микросателлиты остаются эффективным инструментом, переход к SNP-маркерам может значительно улучшить качество генетических оценок для сибирского осетра, однако ввиду отсутствия разработанных SNP-панелей этот вопрос требует дополнительных исследований.

Современные исследования акцентируют внимание на интеграции геномной информации в модели BLUP, таких как геномный BLUP (GBLUP) и одношаговый геномный BLUP (ssGBLUP), которые комбинируют информацию о родословной и геномные данные для повышения точности прогнозов. Например, в исследовании обыкновенного карпа (*Cyprinus carpio*) геномная селекция с использованием 12,311 SNP-маркеров обеспечила улучшение точности оценок племенной ценности на 18 % по сравнению с традиционным BLUP на основе родословной (Rasal KD et al., 2024).

В нашем исследовании использование 8 микросателлитных локусов для построения псевдо-родословной позволило сформировать матрицу родства, которая отражала генетические кластеры внутри выборки. Это согласуется с выводами обзора по применению микросателлитов в аквакультуре, где подчеркивается их высокая полиморфность и пригодность для анализа родства и оценки наследуемости (Wenne R, 2023).

Так, при использовании родословной в процедуре оценки значения коэффициента наследуемости продемонстрировали стабильность (0,164...0,220) независимо от объема бонитировочных данных, в то время как для группы без родословной наблюдался резкий разброс значений (0,036...0,595), особенно заметный при уменьшении числа бонитировок.

Полученные с учетом родословной оценки показали стабильно низкий уровень достоверности (11,75...18,98 %) и сопоставимую в рамках четырех итераций оценки вариабельность, выраженную в минимуме и максимуме значений.

Оценки, полученные без использования родословной, продемонстрировали низкий уровень достоверности (4,82...16,88 %) при использовании данных о совокупности двух-трех бонитировок и очень высокий – при использовании данных о четырех-пяти бонитировках (76,66...82,22 %). Абсолютные значения оценок за эти же пары периодов характеризовались несопоставимой вариабельностью, выраженной в различиях пределов значений, доходивших до 17 раз. Это, как и различия в коэффициентах наследуемости, свидетельствует о нестабильности результатов, получаемых без учёта генетической неоднородности выборки, выраженной в информации о происхождении особей.

В то же время оба варианта оценки характеризовались схожими коэффициентами повторяемости между различными итерациями оценки племенной ценности. Полученный результат свидетельствует о том, что, по крайней мере, на текущем этапе можно говорить о достаточно высокой степени сходимости результатов ранжирования особей по результатам оценки, не учитывающей происхождение особей, однако абсолютные значения такой оценки становятся релевантными только при относительно большом объеме данных. Оценка, учитывавшая родственные связи между особями, демонстрирует релевантные значения, начиная с первой итерации (использовавшей данные о двух бонитировках).

Родословная в нашем исследовании позволила получить более устойчивые оценки коэффициентов наследуемости (h^2), без резких скачков, зависящих от объема доступной информации. В свою очередь анализ данных показал, что без родословной оценки могут быть зашумлены – как завышенными, так и заниженными значениями. Абсолютные значения также характеризовались большей сходимостью для оценок, использовавших сформированную родословную, что свидетельствует о лучшей прогнозирующей способности такого подхода.

Заключение.

Полученные экспериментальные данные подтверждают, что использование молекулярно-генетических методов для идентификации происхождения сибирского осетра ленской популяции может быть интегрировано в процедуру оценки племенной ценности. Фактическое отсутствие информации о реальном происхождении предков особей в исследованной выборке, очевидно, все еще вносит некоторую неопределенность в результат, однако полученные значения и картины повторяемости оценок племенной ценности позволяют утверждать об эффективности примененного подхода.

Список источников

1. Влияние показателя оценки быков-производителей методом BLUP на период продуктивного использования коров черно-пестрой породы / Р.К. Мещеров, А.А. Грашин, В.А. Грашин, Ш.Р. Мещеров // Зоотехния. 2022. № 11. С. 5-8. [Meshherov RK, Grashin AA, Grashin VA, Meshherov SR. Influence of the BLUP sire evaluation indicator on the period of productive use of black-and-white breed cows. Zootechniya. 2022;11:5-8. (In Russ.)]. doi: 10.25708/ZT.2022.18.11.002
2. Волкова А.Ю., Хуобонен М.Э. Оценка морфометрических и рыбоводно-биологических показателей сибирского осетра (*Acipenser baerii* Brandt) ленской популяции при выращивании в условиях Крайнего Севера // Вестник МГТУ. Труды Мурманского государственного технического университета. 2019. Т. 22. № 2. С. 243-248. [Volkova AYU, Huobonen ME. 2019 Estimation of morphometric and fish-breeding biological indicators of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii* Brandt) from the Lena River population, rearing in the conditions of the Far North. Vestnik of MSTU. Scientific Journal of Murmansk State Technical University. 2019;22(2):243-248. (In Russ.)]. doi: 10.21443/1560-9278-2019-22-2-243-248
3. ДНК маркеры и микросателлитный код" (обзор) / В.И. Глазко, Г.Ю. Косовский, Т.Т. Глазко, Л.М. Федорова // Сельскохозяйственная биология. 2023. Т. 58. № 2. С. 223-248. [Glaz-

ko VI, Kosovsky GYu, Glazko TT, Fedorova LM. DNA markers and microsatellite code (review). Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2023;58(2):223-248. (In Russ.). doi: 10.15389/agrobiology.2023.2.223rus doi: 10.15389/agrobiology.2023.2.223eng

4. Игнатьева Л.П., Сермягин А.А. Использование метода BLUP ANIMAL MODEL для оценки племенной ценности коров симментальской породы // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2021. № 4(56). С. 188-194. [Ignatieva LP, Sermyagin AA. Usage of the BLUP ANIMAL MODEL for estimation of the breeding value of simmental cows. Vestnik of Ulyanovsk State Agricultural Academy. 2021;4(56):188-194. (In Russ.). doi: 10.18286/1816-4501-2021-4-188-194

5. Карташова А.П., Фирсова Э.В. Эффективность использования BLUP при анализе генеалогических групп // Достижения науки и техники АПК. 2022. Т. 36. № 10. С. 66-71. [Kartashova AP, Firsova EV. BLUP efficiency in the analysis of genealogical groups. Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex. 2022;36(10):66-71. (In Russ.). doi: 10.53859/02352451_2022_36_10_66

6. Карымсаков Т.Н., Насамбаев Е.Г. Эффективность оценки племенной ценности быков-производителей по качеству потомства методом BLUP // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2021. № 3(89). С. 278-280. [Karymsakov TN, Nasambaev EG. The effectiveness of assessing the breeding value of bulls by the quality of offspring by the BLUP method. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2021;3(89):278-280. (In Russ.). doi: 10.37670/2073-0853-2021-89-3-278-280

7. Козлова Н.В., Яковлева Е.П., Пятикопова О.В. Генетические и рыбоводно-биологические исследования осетровых видов рыб для целей искусственного воспроизводства // Вопросы рыболовства. 2024. Т. 25. № 2. С. 111-120. [Kozlova NV, Yakovleva EP, Pyatikopova OV. Genetic and fish-breeding biological research on sturgeon species for the purpose of artificial reproduction. Problems of Fisheries. 2024;25(2):111-120. (In Russ.). doi: 10.36038/0234-2774-2024-25-2-111-120

8. Мюге Н.С., Барминцева А.Е. Геномные исследования для сохранения осетровых: анализ наследования полиплоидных локусов и разработка панели маркеров для идентификации гибридов осетровых и продукции из них // Вестник Российского фонда фундаментальных исследований. 2020. № 2(106). С. 78-87. [Mygue NS, Barmintseva AE. Genomic research for sturgeon conservation: analysis of the inheritance of polyploid loci and the development of a marker panel to identify sturgeon hybrids and their products. Russian Foundation for Basic Research Journal. 2020;2(106):78-87. (In Russ.). doi: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87

9. Определение достоверности происхождения сибирского осетра на основе результатов микросателлитного анализа и коэффициентов генетического сходства / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, П.И. Отраднов, В.И. Никипелов, А.А. Белоус // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107. № 4. С.106-115. [Bardukov NV, Nikipelova AK, Otradnov PI, Nikipelov VI, Belous AA. Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients. Animal Husbandry and Fodder Production. 2024;107(4):106-115. (In Russ.). doi: 10.33284/2658-3135-107-4-106

10. Особенности процесса выращивания молоди русского осетра на донском осетровом заводе в 2021 г. / Е.В. Горбенко, А.А. Павлюк, О.А. Воробьева, С.Г. Сергеева, М.Г. Панченко // Водные биоресурсы и среда обитания. 2022. Т. 5. № 4. С. 66-82. [Gorbenko EV, Pavlyuk AA, Vorobyeva OA, Sergeeva SG, Panchenko MG. Specific features of rearing of the russian sturgeon juveniles in the don sturgeon hatchery in 2021. Aquatic Bioresources & Environment. 2022;5(4):66-82. (In Russ.). doi: 10.47921/2619-1024_2022_5_4_66

11. Отраднов П.И., Рудиянов Д.М., Белоус А.А. Валидация оценок племенной ценности свиней породы дюрок по признакам кормового поведения // Свиноводство. 2023. № 5. С. 22-26. [Otradnov PI, Rudiyanov DM, Belous AA. Validation of breeding value estimates for Duroc pigs by feeding behavior traits. Svinovodstvo. 2023;5:22-26. (In Russ.). doi: 10.37925/0039-713X-2023-5-22-26

12. Проблемы и вопросы при прогнозировании генетической племенной ценности сельскохозяйственных животных. / А.Е. Калашников, А.И. Голубков, Н.Ф. Щегольков, Е.Р. Гостева // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2022. № 4. С. 77-96. [Kalashnikov AE, Golubkov AI, Shegolkov NF, Gosteva ER. Problems and issues in forecasting the genetic breeding value of agricultural animals. Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University). 2022;4:77-96. (*In Russ.*)]. doi: 10.31677/2072-6724-2022-65-4-77-96
13. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для генетической паспортизации сибирского осетра (*Acipenser baerii*) / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, А.А. Белоус, Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. 2023. Т. 58. № 6. С. 1057-1067. [Bardukov NV, Nikipelova AK, Belous AA, Zinovieva NA. Development of multiplex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2023;58(6):1057-1067. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057rus doi: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057eng
14. Репродуктивные показатели стерляди и сибирского осетра при выращивании в аквакультуре и в естественных водоемах / Е.А. Данилова, А.П. Воробьев, И.О. Звезда, Е.Р. Данилова, О.Г. Слепцова, И.В. Чуракина, В.А. Леднева // Рыбоводство и рыбное хозяйство. 2023. Т. 17. № 4(207). С. 245-255. [Danilova EA, Vorob'ev AP, Zvezda IO, Danilova ER, Slepctsova OG, Churakina IV, Ledneva VA. Reproductive indicators of sterlet and siberian sturgeon when grown in aquaculture and in natural reservoirs. Fish Breeding and Fisheries. 2023;17(4):245-255. (*In Russ.*)]. doi: 10.33920/sel-09-2304-03
15. Сидорова Л.И., Кириллов А.Ф., Ксенофонтов М.М. Размерно-весовые характеристики Ленской популяции сибирского осетра *Acipenser baerii* Brandt, 1869 // Научные труды Дальрыбвтуза. 2024. Т. 68. № 2. С. 127-131. [Sidorova LI, Kirillov AF, Ksenofontov MM. Size and weight characteristics of Lena population of *Acipenser baerii* Brandt, 1869. Scientific Journal of the Far Eastern State Technical Fisheries University. 2024;68(2):127-131. (*In Russ.*)]. doi: 10.48612/dalrybvtuz/2024-68-14
16. Хайнацкий В.Ю. Метод племенной оценки быков-производителей мясных пород на основе BLUP // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104. № 1. С. 20-31. [Haynatsky VYu. BLUP Method of breeding assessment of beef sires. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021;104(1):20-31. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-104-1-20
17. Bermann M, Aguilar I, Lourenco D, Misztal I, Legarra A. Reliabilities of estimated breeding values in models with metafounders. Genet Sel Evol. 2023;55:6. doi: 10.1186/s12711-023-00778-2
18. Cui X, Li C, Qin S, Huang Z, Gan B, Jiang Z, Huang X, Yang X, Li Q, Xiang X, Chen J, Zhao Y, Rong J. High-throughput sequencing-based microsatellite genotyping for polyploids to resolve allele dosage uncertainty and improve analyses of genetic diversity, structure and differentiation: A case study of the hexaploid *Camellia oleifera*. Mol Ecol Resour. 2022;22(1):199-211. doi: 10.1111/1755-0998.13469
19. Paradis E, Schliep K. Ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. Bioinformatics. 2019;35(3):526-528. doi: 10.1093/bioinformatics/bty633
20. Rasal KD, Kumar PV, Risha S, Asgolkar P, Harshavarthini M, Acharya A, Shinde S, Dhere S, Rasal A, Sonwane A, Brahmane M, Sundaray JK, Nagpure N. Genetic improvement and genomic resources of important cyprinid species: status and future perspectives for sustainable production. Front Genet. 2024;15:1398084. doi: 10.3389/fgene.2024.1398084
21. Ren S, Mather PB, Tang B, Hurwood DA. Standardized microsatellite panels for pedigree management of farmed white-leg shrimp (*Penaeus vannamei*) stocks validated in a VIE tagged family selection line. Aquaculture. 2022;511:737946. doi: 10.1016/j.aquaculture.2022.737946
22. Shivaramu S, Lebeda I, Vuong DT, Rodina M, Gela D, Flajshans M. Ploidy levels and fitness-related traits in purebreds and hybrids originating from sterlet (*Acipenser ruthenus*) and unusual ploidy levels of siberian sturgeon (*A. baerii*). Genes (Basel). 2020;11(10):1164. doi: 10.3390/genes11101164

23. Silveira DS, Weiler RL, Brunes AP, Simioni C, Mills A, Longhi J, Corrêa MVS, Nauderer C, Valentini A, Santos WMD, Dall'Agnol M. REML/BLUP methodology for selection intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flüggé by multivariate analysis. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*. 2023;95(S2):e20230137. doi: 10.1590/0001-3765202320230137
24. Weng Z, Yang Y, Wang X, Wu L, Hua S, Zhang H, Meng Z. Parentage analysis in giant grouper (*Epinephelus lanceolatus*) using microsatellite and SNP markers from Genotyping-by-Sequencing data. *Genes*. 2021;12(7):1042. doi: 10.3390/genes12071042
25. Wenne R. Microsatellites as molecular markers with applications in exploitation and conservation of aquatic animal populations. *Genes (Basel)*. 2023;14(4):808. doi: 10.3390/genes14040808

References

1. Meshherov RK, Grashin AA, Grashin VA, Meshherov SR. Influence of the BLUP sire evaluation indicator on the period of productive use of black-and-white breed cows. *Zootechniya*. 2022;11:5-8. doi: 10.25708/ZT.2022.18.11.002
2. Volkova AY, Huobonen ME. 2019 Estimation of morphometric and fish-breeding biological indicators of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii* Brandt) from the Lena River population, rearing in the conditions of the Far North. *Vestnik of MSTU. Scientific Journal of Murmansk State Technical University*. 2019;22(2):243-248. doi: 10.21443/1560-9278-2019-22-2-243-248
3. Glazko VI, Kosovsky GYu, Glazko TT, Fedorova LM. DNA markers and microsatellite code (review). *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2023;58(2):223-248. doi: 10.15389/agrobiology.2023.2.223eng
4. Ignatieva LP, Sermyagin AA. Usage of the BLUP ANIMAL MODEL for estimation of the breeding value of simmental cows. *Vestnik of Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2021;4(56):188-194. doi: 10.18286/1816-4501-2021-4-188-194
5. Kartashova AP, Firsova EV. BLUP efficiency in the analysis of genealogical groups. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2022;36(10):66-71. doi: 10.53859/02352451_2022_36_10_66
6. Karymsakov TN, Nasambaev EG. The effectiveness of assessing the breeding value of bulls by the quality of offspring by the BLUP method. *Izvestia Orenburg State Agrarian University*. 2021;3(89):278-280. doi: 10.37670/2073-0853-2021-89-3-278-280
7. Kozlova NV, Yakovleva EP, Pyatikopova OV. Genetic and fish-breeding biological research on sturgeon species for the purpose of artificial reproduction. *Problems of Fisheries*. 2024;25(2):111-120. doi: 10.36038/0234-2774-2024-25-2-111-120
8. Mygue NS, Barmintseva AE. Genomic research for sturgeon conservation: analysis of the inheritance of polyploid loci and the development of a marker panel to identify sturgeon hybrids and their products. *Russian Foundation for Basic Research Journal*. 2020;2(106):78-87. doi: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87
9. Bardukov NV, Nikipelova AK, Otradnov PI, Nikipelov VI, Belous AA. Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(4):106-115. doi: 10.33284/2658-3135-107-4-106
10. Gorbenko EV, Pavlyuk AA, Vorobyeva OA, Sergeeva SG, Panchenko MG. Specific features of rearing of the russian sturgeon juveniles in the don sturgeon hatchery in 2021. *Aquatic Bioresources & Environment*. 2022;5(4):66-82. doi: 10.47921/2619-1024_2022_5_4_66
11. Otradnov PI, Rudiyanov DM, Belous AA. Validation of breeding value estimates for Duroc pigs by feeding behavior traits. *Svinovodstvo*. 2023;5:22-26. (*In Russ.*). doi: 10.37925/0039-713X-2023-5-22-26

12. Kalashnikov AE, Golubkov AI, Shegolkov NF, Gosteva ER. Problems and issues in forecasting the genetic breeding value of agricultural animals. Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University). 2022;4:77-96. doi: 10.31677/2072-6724-2022-65-4-77-96
13. Bardukov NV, Nikipelova AK, Belous AA, Zinovieva NA. Development of multi-plex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2023;58(6):1057-1067. doi: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057eng
14. Danilova EA, Vorob`ev AP, Zvezda IO, Danilova ER, Slepctsova OG, Churakina IV, Ledneva VA. Reproductive indicators of sterlet and siberian sturgeon when grown in aquaculture and in natural reservoirs. Fish Breeding and Fisheries. 2023;17(4):245-255. doi: 10.33920/sel-09-2304-03
15. Sidorova LI, Kirillov AF, Ksenofontov MM. Size and weight characteristics of Lena population of *Acipenser baerii* Brandt, 1869. Scientific Journal of the Far Eastern State Technical Fisheries University. 2024;68(2):127-131. doi: 10.48612/dalrybvtuz/2024-68-14
16. Haynatsky VYu. BLUP Method of breeding assessment of beef sires. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021;104(1):20-31. doi: 10.33284/2658-3135-104-1-20
17. Bermann M, Aguilar I, Lourenco D, Misztal I, Legarra A. Reliabilities of estimated breeding values in models with metafounders. Genet Sel Evol. 2023;55:6. doi: 10.1186/s12711-023-00778-2
18. Cui X, Li C, Qin S, Huang Z, Gan B, Jiang Z, Huang X, Yang X, Li Q, Xiang X, Chen J, Zhao Y, Rong J. High-throughput sequencing-based microsatellite genotyping for polyploids to resolve allele dosage uncertainty and improve analyses of genetic diversity, structure and differentiation: A case study of the hexaploid *Camellia oleifera*. Mol Ecol Resour. 2022;22(1):199-211. doi: 10.1111/1755-0998.13469
19. Paradis E, Schliep K. Ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. Bioinformatics. 2019;35(3):526-528. doi: 10.1093/bioinformatics/bty633
20. Rasal KD, Kumar PV, Risha S, Asgolkar P, Harshavarthini M, Acharya A, Shinde S, Dhere S, Rasal A, Sonwane A, Brahmane M, Sundaray JK, Nagpure N. Genetic improvement and genomic resources of important cyprinid species: status and future perspectives for sustainable production. Front Genet. 2024;15:1398084. doi: 10.3389/fgene.2024.1398084
21. Ren S, Mather PB, Tang B, Hurwood DA. Standardized microsatellite panels for pedigree management of farmed white-leg shrimp (*Penaeus vannamei*) stocks validated in a VIE tagged family selection line. Aquaculture. 2022;511:737946. doi: 10.1016/j.aquaculture.2022.737946
22. Shivaramu S, Lebeda I, Vuong DT, Rodina M, Gela D, Flajshans M. Ploidy levels and fitness-related traits in purebreds and hybrids originating from sterlet (*Acipenser ruthenus*) and unusual ploidy levels of siberian sturgeon (*A. baerii*). Genes (Basel). 2020;11(10):1164. doi: 10.3390/genes11101164
23. Silveira DS, Weiler RL, Brunes AP, Simioni C, Mills A, Longhi J, Corrêa MVS, Nauderer C, Valentini A, Santos WMD, Dall'Agnol M. REML/BLUP methodology for selection intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flüge by multivariate analysis. Anais da Academia Brasileira de Ciências. 2023;95(S2):e20230137. doi: 10.1590/0001-3765202320230137
24. Weng Z, Yang Y, Wang X, Wu L, Hua S, Zhang H, Meng Z. Parentage analysis in giant grouper (*Epinephelus lanceolatus*) using microsatellite and SNP markers from Genotyping-by-Sequencing data. Genes. 2021;12(7):1042. doi: 10.3390/genes12071042
25. Wenne R. Microsatellites as molecular markers with applications in exploitation and conservation of aquatic animal populations. Genes (Basel). 2023;14(4):808. doi: 10.3390/genes14040808

Информация об авторах:

Петр Ильич Отраднов, младший научный сотрудник лаборатории генетических технологий в агро- и аквахозяйстве, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132, Россия, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60, тел.: +79296131475.

Владислав Игоревич Никипелов, младший научный сотрудник лаборатории генетических технологий в агро- и аквакультуре, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132, Россия, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д.60, тел.: +79270752759.

Амина Кумаровна Никипелова, младший научный сотрудник лаборатории генетических технологий в агро- и аквакультуре, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132, Россия, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, д. 60, тел.: +79275708398.

Александр Юрьевич Боборыкин, младший научный сотрудник лаборатории генетических технологий в агро- и аквакультуре, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132, Россия, Московская область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, дом 60, тел.: +79670303912.

Анна Александровна Белоус, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией генетических технологий в агро- и аквакультуре, директор Всероссийского научно-исследовательского института интегрированного рыбоводства – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 142460, Московская область, Ногинский район, рабочий поселок им. Воровского, улица Сергеева, д. 24, тел.: +79850404028.

Information about the authors:

Petr I Otradnov, Junior Researcher at the Laboratory of Genetic Technologies in the Agro- and Aquatic Husbandry of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia, tel.: +79296131475.

Vladislav I Nikipelov, Junior Researcher at the Laboratory of Genetic Technologies in the Agro- And Aquatic Husbandry of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia, tel.: +79270752759.

Amina K Nikipelova, Junior Researcher at the Laboratory of Genetic Technologies in the Agro- and Aquatic Husbandry of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia, tel.: +79275708398.

Alexander Yu Boborykin, Junior Researcher at the Laboratory of genetic technologies in the agro- and aquatic husbandry of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, 60 Dubrovitsy village, Podolsk City district, Moscow region, 142132, Russia, tel.: +79670303912.

Anna A Belous, Cand. Sci. (Biology), Head the Laboratory of Genetic Technologies in the Agricultural and Aquatic Husbandry, Director of the All-Russian Scientific Research Institute of Integrated Fisheries- a branch of the Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, 24 Sergeeva street, Noginsky district, working settlement named after Vorovsky, Moscow Region, 142460, tel.: +79850404028.

Статья поступила в редакцию 03.06.2025; одобрена после рецензирования 24.06.2025; принята к публикации 15.09.2025.

The article was submitted 03.06.2025; approved after reviewing 24.06.2025; accepted for publication 15.09.2025.