

УДК 636.088.31

DOI: 10.33284/2658-3135-103-4-47

**Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность
и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор)**

В.И. Колпаков

Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук (г. Оренбург)

Аннотация. В статье представлен обзор иностранных и отечественных исследований по изучению полиморфизмов генов-кандидатов, определяющих мясную и молочную продуктивность, качество мяса крупного рогатого скота: LEP, CAPN1, CAST, DGAT1, FABP4, RORC, SCD, 1CSN3, PRL, BLG, TNF- α и других. Использование информативных данных ДНК-маркеров позволяет вести отбор в раннем возрасте, а также характеризует полигенную природу наследования. Выбор генетических маркеров зависит от частотного распределения генов, генетического расстояния между породами и наличия частных аллелей. В настоящее время в практику селекционно-племенной работы стала внедряться селекция, основанная на ДНК-маркерах продуктивности мясного скота. Анализ генетического разнообразия эколого-генетических групп с использованием эритроцитарных антигенных факторов и ДНК-маркеров обеспечит объективный контроль за селекционным процессом и определит дальнейшее его направление.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, селекция, однонуклеотидный полиморфизм, ДНК-маркеры, мясная продуктивность, качество мяса.

UDC 636.088.31

Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality of cattle (review)

Vladimir I Kolpakov

Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences (Orenburg, Russia)

Summary. The article provides an overview of foreign and domestic researches on study of polymorphisms of candidate genes that determine meat and milk productivity, quality of cattle meat: LEP, CAPN1, CAST, DGAT1, FABP4, RORC, SCD, 1CSN3, PRL, BLG, TNF- α and others. The use of informative data of DNA markers allows selection at an early age, and also characterizes the polygenic nature of inheritance. The choice of genetic markers depends on the frequency distribution of genes, genetic distance between breeds and the presence of particular alleles. Nowadays, selection based on DNA markers of beef cattle productivity has begun to be introduced into the practice of selection and breeding work. Analysis of the genetic diversity of ecological and genetic groups using erythrocyte antigenic factors and DNA markers will provide objective control over selection process and determine its further direction.

Key words: cattle, selection, single nucleotide polymorphism, DNA markers, meat productivity, meat quality.

Введение.

Селекция крупного рогатого скота на основе особенностей нуклеотидной последовательности в их геноме с применением ДНК-технологий получила стремительное развитие в странах с развитым мясным скотоводством в течение последних двадцати лет. Молекулярно-генетическая оценка стада коров и быков является важнейшим этапом племенной работы в мясном скотоводстве (Shmukler BE et al., 2000; Neja W et al., 2015). Большинство хозяйственно ценных селекционных признаков имеют полигенный характер, т. е. контролируются различными генами. Поэтому в

настоящее время в странах с развитой экономикой активно формируется новое направление селекции, основанное на информации о генотипах живых организмов – маркерная вспомогательная селекция. Выявление животных с высоким генетическим потенциалом продуктивности и качеством получаемой от них продукции, экспресс-оценка особей на устойчивость к стрессовым факторам окружающей среды и резистентность к инфекционным заболеваниям становятся доступным средством в результате разработки ДНК-маркеров хозяйственно-полезных признаков крупного рогатого скота (Mudili V et al., 2012; Mishra A et al., 2012; Mishra A et al., 2013; Arzt J et al., 2014; Juliarena MA, 2016; Raphaka K et al., 2017).

Животноводство сегодня становится одной из самых прибыльных отраслей агропромышленного комплекса не только в России, но и за рубежом. Одним из основных направлений селекционной работы в мясном скотоводстве является повышение мясной продуктивности различных пород крупного рогатого скота. Для решения этой задачи используется маркер-ассоциированный отбор сельскохозяйственных животных (Cheong HS et al., 2008; Spurlock DM et al., 2014; Kariuki CM et al., 2017).

Преимущество генетических маркеров заключается в том, что они неизменны по своему составу, независимы от условий окружающей среды и обладают кодовым типом наследования, а значит, и чётким генетическим контролем (Jaton C et al., 2016; Shavhuzhev A et al., 2017). Использование генетических маркеров для производства мяса в практическом скотоводстве позволяет более достоверно оценивать генетический потенциал пород, популяций и отдельных особей, контролировать селекционные процессы и корректировать их направленность. Разработка молекулярно-генетических методов анализа, создающих новые маркерные системы, обеспечивающие выявление потенциала на уровне ДНК, начиная от пола и возраста, позволяет прогнозировать продуктивность сельскохозяйственных животных на ранних стадиях их развития (Allais S et al., 2011; Goddard ME and Whitelaw E, 2014).

Полиморфизм генов, определяющих мясную и молочную продуктивность. Как известно, мясная продуктивность животных и качественные характеристики мяса зависят от многих факторов: порода и генетический потенциал, условия содержания и кормления, возраст убоя и способ хранения мяса (Durkin K et al., 2012; Calus MP et al., 2015; Auton A et al., 2015; Broderick GA, 2018). Для оценки потенциала мясной продуктивности разработан метод ДНК-маркирования племенных животных по генам, связанным с мясной продуктивностью: ген рилизинг-фактора гормона роста, ген диацилглицерол О-ацилтралсферазы 1 (DGAT1), ген кальпаина (CAPN1), ген лептина (LEP), ген тиреоглобулина (TG5) (Komisarek J, 2010; Тюлькин С.В. и др., 2012; Xin L et al., 2013; Горлов И.Ф. и др., 2014; Auty H et al., 2015; K k S et al., 2017; Bayram D et al., 2019). Скрининг по этим генам необходим для направленной селекционно-племенной работы, формирования высокопродуктивного племенного стада на основе особей, в геноме которых находятся аллели генов, позволяющие получать высокие привесы, отбор молодняка для формирования племенного ремонтного стада с высокими показателями качества мяса.

В качестве потенциального маркера молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота могут рассматриваться аллели гена лептина LEP (Giblin L et al., 2010; Carvalho T et al., 2012; Aviles C et al., 2013). Лептин является ключевой сигнальной молекулой, связывающей питание с репродуктивной функцией. Он выполняет несколько функций у млекопитающих, большинство из которых связано с контролем баланса энергии и общего пищевого поведения. Данный белок участвует в регулировании воспроизводства и иммунной реакции. Лептин – гормон, вырабатываемый адипоцитами – клетками жировой ткани, секретируется в кровоток и влияет на синтез посредников в гипоталамусе, регулирующих пищевое поведение. Наряду с этим доказано влияние гена лептина на продуктивное долголетие крупного рогатого скота. Описано около 60 однонуклеотидных (SNP) полиморфизмов для гена лептина, который располагается в 4 хромосоме крупного рогатого скота (Kmiec M et al., 2006; Komisarek J, 2010; Xin L et al., 2013).

При изучении полиморфизма гена LEP у быков-производителей европейской и североамериканской селекции обнаружена высокая частота встречаемости генотипов лептина, ассоциированных с длительными сроками хозяйственного использования (Kmieć M et al., 2006; Komisarek J, 2010).

При изучении полиморфизма гена лептина (R25C, Y7F и A80V), связанных с продуктивным долголетием голштинского скота, в выборке быков-производителей голштинской породы, используемых или планируемых к использованию в системе искусственного осеменения, было выявлено, что данный полиморфизм можно использовать для ведения маркер-ассоциированной селекции (Giblin L et al., 2010).

Carvalho T с коллегами (2012) провели оценку влияния полиморфизма гена лептина на молочность коров. Авторы установили, что наивысшая жирномолочность (4 %) отмечается у особей-носителей генотипа СТ, что подтверждается более высоким выходом молочного жира по сравнению с особями, не имевшими этого генотипа. При этом установлено влияние полиморфизма гена тиреоглобулина на молочную продуктивность. Наибольшую жирномолочность (4,22 %), а также преимущество по удою, выходу жира и выходу белка имели особи с гомозиготным генотипом ТТ.

Durán Aguilar M с соавторами (2017) изучали полиморфизм гена лептина и связь энергообмена с молочной продуктивностью у коров голштинской породы. Выявлено, что такие параметры продуктивности, как лёгкость отёлов, продолжительность стельности, содержание белка и жира в молоке связаны с полиморфизмом R25C. При этом установлена связь гетерозиготных генотипов с вероятностью выбраковки животных. Животные с генотипом СС (в точке R25C) имели в 3,1 раза увеличенный риск выбраковки из стада, чем особи с гетерозиготным генотипом, а коровы с генотипом FF (в точке Y7F) – в 3,6 раз более высокий риск выбраковки по сравнению с носителями генотипа YY.

В своих исследованиях Li C с коллегами (2016) и Chiaia HL с соавторами (2018) определяли полиморфизм гена лептина на экзоне 3 (локус A59V) и интроне 2 (локус SAU3AI) в вымирающей популяции автохтонного крупного рогатого скота породы Буша и молочной породе Nellore. Отсутствие генотипа ВВ и значимых различий в исследуемых функциональных признаках между двумя генотипами SAU3AI и отсутствие полиморфизма A59V (наличие только генотипа СС) свидетельствуют о том, что Бушинская порода крупного рогатого скота, хотя и является автохтонной малопродуктивной нативной породой, используемой для производства мяса и молока, но имеет полиморфизм по генным маркерам, характерный для высокопродуктивных молочных коров.

Появление геномной селекции с соответствующей улучшенной точностью прогнозирования ускорит внедрение элитной генетики для повышения эффективности кормления в популяциях мясного скота. Существующие проблемы, связанные с этим подходом, могут быть преодолены в долгосрочной перспективе за счёт активизации международных совместных усилий, но в краткосрочной перспективе не устранят сохраняющуюся потребность в точном измерении первичного фенотипа (Rumpold BA and Schlüter OK, 2013; Aschard H et al., 2014; Zhou X and Stephens M, 2014; Bolormaa S et al., 2016; de Haas Y et al., 2017; Signer-Hasler H et al., 2017).

Включение комплекса признаков, в том числе показателей хромосомной нестабильности, является важной задачей при оценке интерьера животных, в том числе для изучения фенофона пород животных. Это связано с тем, что спонтанный мутагенез свойственен для любой популяции. Воздействие различных факторов, связанных с нарушением функционирования ферментов, репаративными процессами репликации хромосом, целостностью генома, подавлением иммунитета определяет особенности происходящих нарушений (Wiener P et al., 2009; Ye MH et al., 2010; Rothhammer S et al., 2014; Wiedemar N et al., 2014; Nimbona C et al., 2019).

При анализе однонуклеотидного полиморфизма ДНК-маркеров в популяции крупного рогатого скота герефордской породы и формировании банка ДНК животных для проведения популяционно-генетических исследований были представлены аллельные частоты генов CAPN 1, CAST, GDF 5, TG 5, bGH. Изучение полиморфизма гена CAST, ответственного за нежность мяса, показало высокую распространённость животных с генотипом СС – 0,700. Среди изученных генетических маркеров в герефордской популяции наблюдалась достоверная гетерозиготность по генам

CAPN1 и bGH, которая колебалась в пределах 0,289-0,303. Минимальное эффективное число аллелей (1120) было установлено в гене GDF5, напротив, наибольшее число (1843) – в гене bGH. Чёткую дифференциацию герефордских стад на Уральскую и Северокавказскую субпопуляции, расстояние между которыми составляет более 0,20 единиц, подтверждают результаты кластерного анализа генетических частот маркеров (Косян Д.Б. и др., 2012).

Полиморфизмы, расположенные в генах ABCG2, DGAT1, LEP, PRLR, RORC, CAPN1 и CAST, ранее исследователями были связаны с признаками молочного или мясного производства. В работе авторами были изучены эти полиморфизмы на предмет существенного влияния на репродуктивные признаки (возраст в пубертатный период, послеродовой интервал эструса, способность овулировать и вес, рост и сывороточную концентрацию инсулиноподобного фактора роста). В результате исследований полиморфизм в гене DGAT1 был связан с возрастом периода полового созревания, а два полиморфизма в CAPN1 были связаны с послеродовым интервалом эструса и овуляцией (Giordano JO et al., 2013; Jatou C et al., 2016). Благоприятная аллель для репродуктивных признаков не всегда была благоприятной аллелью, связанной с производственными признаками. Влияние этих полиморфизмов на репродуктивные признаки было незначительным по сравнению с их влиянием на молочное и мясное производство (Pinto LFB et al., 2010).

Полиморфизм генов, определяющих качество мяса. При оценке ассоциаций между одонуклеотидными полиморфизмами генов CAPN1, CAST, DGAT1, FABP4, LEP, RORC и SCD1 и сенсорным качеством мяса крупного рогатого скота пород Charolais, Limousin и Retinta получено, что гены CAST, LEP и SCD1 потенциально влияют на различные измерения сенсорного качества мяса. Для маркеров UoG-CAST, LEP: g.73C>T и SCD1: g.878T>C по различным дескрипторам наблюдалась значительная ассоциация и эффект аллельной замены (Pogorzelska J et al., 2013).

При исследовании генетических эффектов на качество мяса были проведены ассоциативные анализы между одонуклеотидными полиморфизмами (SNPs) генов DGAT1, LEP, SCD1, CAPN1 и CAST, связанных с окраской, мраморностью, влагоудерживающей способностью и нежностью мяса бычков. По результатам исследований было получено, что ассоциации полиморфизма K232A в гене DGAT1 (мраморность мяса) и полиморфизм в генах CAPN1 и CAST (нежность мяса), а также гены LEP, SCD1 и CAPN1 связаны с вариабельностью окраски мяса в процессе созревания в течение 6 дней. Результаты подтвердили, что качественные признаки мяса находятся под генетическим контролем (Xin L et al., 2013).

В работе Giblin L с коллегами (2010) рассматривался одиночный полиморфизм нуклеотида (SNP) в гене лептина, который приводит к варианту Arg25Cys, непосредственно связанному с качеством туши и составом молока в молочном скотоводстве. Однако лептин (LEP) также играет определённую роль в иммунной системе. В частности, Asiamah PA с соавторами (2009) определяли, будет ли отбор, основанный на SNP, отрицательно влиять на количество иммунных клеток или продукцию антител. Для этого экспериментальным животным была введена коммерческая вакцина против бешенства. Перед вакцинацией у каждого животного определяли количество моноклеарных клеток (общих и активированных В-лимфоцитов, общих и активированных Т-хелперов и Т-цитотоксических, Т-лимфоцитов и моноцитов), а также исходные титры антител в сыворотке крови. По результатам исследований определено, что количество шести различных типов клеток были достоверно ассоциированы с генотипом LEP, однако между генотипом LEP (ТТ, СТ или СС) и популяциями моноклеарных клеток периферической крови не наблюдалось никаких последовательных закономерностей. В то же время наблюдались достоверные различия в продукции антирабических антител в ответ на вакцинацию относительно генотипа LEP. Результаты свидетельствуют о том, что отбор по аллелю С или Т не оказал бы отрицательного влияния на измеренные показатели иммунной функции у мясного скота (Walz PH et al., 2017).

Для исследования мясного скота основной задачей является контроль развития мышц и как итог – качество мяса. Качество говядины – это сложный вариабельный фенотип, который обнаруживается только после убоя (Serra X et al., 2008; Martins P et al., 2012; Solovieff N et al., 2013; Oliveira de HR et al., 2018). На сегодняшний день продолжается идентификация соответствующих

генетических и геномных маркеров, особенно для определения нежности мяса. Многими авторами предложены стратегические этапы изучения экспрессии маркеров на основе улучшения сенсорного качества говядины, начиная с обнаружения биомаркеров, которые идентифицируют основные биологические свойства мяса (Fisher AV et al., 2000; Allais S et al., 2011; Aldai N et al., 2012; Brewer S, 2010; Chung H et al., 2014; Marino R et al., 2014).

Мраморность мяса является важной характеристикой качественного мяса говядины. В частности, мраморность является сложным признаком и требует системного подхода для выявления генов-кандидатов, связанных с этим признаком. Для определения гена-кандидата авторами был использован взвешенный сетевой анализ коэкспрессии генов из экспрессии генов крупного рогатого скота. Полученные результаты демонстрируют, что трансмембранный белок 60 (TMEM60) и дигидропиримидин дегидрогеназа (DPYD) связаны с повышением мраморности мяса (Xin L et al., 2013).

Белок семейства кальпаинов (calpain) принимает активное участие в декомпозиции мышечной ткани, происходящей после убоя животного. Он действует следующим образом: за счёт действия кальций-зависимой цистеинпротеазы и декомпозиции Z-дисков скелетной мускулатуры происходит ослабление связей межмышечных волокон, что способствует более равномерному распределению внутримышечного жира между волокнами, тем самым обеспечивается мраморность мяса, его сочность и нежность. Невысокая вариабельность и относительно низкий коэффициент наследования не позволяют получать объективные данные об этом признаке при использовании традиционных селекционных методов. Однако результаты более детального изучения полиморфизма гена кальпаина можно использовать при подборе быков-производителей к материнскому поголовью для увеличения доли аллелей, маркирующих качественные характеристики мясной продукции (Dehnavi E et al., 2012; Chung H et al., 2014; Lenis C et al., 2018).

Авторами изучен полиморфизм гена ASAP1, расположенный в области QTL, отвечающий за качество мяса. Также была описана новая ассоциация SNP в гене ASP1 на группе крупного рогатого скота породы Nelore. Полиморфизм в процентном количестве составил 1,13 % от общей аддитивной дисперсии и 17,5 % – от общей дисперсии фенотипического признака, что позволило исследователям предположить, что данный маркер можно использовать при маркерной селекции (Wientjes YCJ et al., 2015).

Влияние генотипов по гену CAPN1 на отдельные признаки экстерьера животных абердин-ангусской породы является большим, чем генотипов по гену CAST. Желательные с точки зрения нежности мяса аллели С генов CAPN1 и CAST положительно коррелируют с увеличением размеров грудной клетки (CAPN1) и мускулатуры (CAST) животных. В свою очередь аллели G этих генов положительно коррелируют с более гармоничным строением тела. Результаты, полученные при оценке заводских линий, подтверждают сделанные выводы: у животных линии Саутхэм Экстра, которые имеют лучшие показатели экстерьера, частота предпочтительных аллелей С генов CAPN1 и CAST выше, чем в других линиях. Таким образом, отбор животных в направлении увеличения частоты аллелей С генов CAPN1 и CAST позволяет достичь не только улучшения качества мяса, но и увеличения размеров мускулатуры и отдельных частей тела с высоким содержанием мышечной ткани (Papaleo Mazzucco J et al., 2016).

Бейшова И.С. с коллегами (2017a) проводили анализ аллельного и генотипического полиморфизма генов С-рецептора ретиноевой кислоты (RORC), диацилглицерол ацилтрансферазы 1 (DGAT1) и гормона роста (bGH). Исследовалось 4 популяции: калмыцкая порода, казахская белоголовая порода российской селекции, казахская белоголовая порода казахстанской селекции и монгольская порода хогорого. Выявлено, что ген bGH ассоциирован с увеличением выхода мяса, гены bGH и RORC – с его мраморностью, а ген DGAT1 – с мягкостью мяса. Изучаемые популяции казахской белоголовой породы характеризовались высоким содержанием предпочтительных для получения высококачественного мяса гомозиготных генотипов – AA генотипа гена RORC (0,71 и 0,61 соответственно) и AA генотипа DGAT1 (0,91 и 0,98). Суммарные частоты сопряжённых генотипов по генам bGH и RORC, более предпочтительных для качества и выхода мяса, в популяциях

казахской белоголовой составили: GG/AA и GC/AA – 68,8 и 57,0 % для российской и казахстанской популяций, что в 2 раза превышает соответствующие показатели у двух других изученных пород.

Авторами определены генотипы животных по генам фактора транскрипции гипофиза-1 (bPit-1), гормона роста (bGH), рецептора гормона роста (bGHR) и инсулиноподобного фактора роста-1 (bIGF-1) с использованием метода ПЦР-ПДРФ с эндонуклеазной рестрикцией *HinFI*, *AluI*, *SspI* и *SnaBI* соответственно. Наибольшее значение индекса удлинения наблюдалось у животных с генотипами bPit-1-Hinfiav и bPit-1-Hinfiiaa. Так, индекс растяжимости у коров с генотипом bPit-1-HinFIAB составляет 129.464 (125.000, 132.787), с генотипом bPit-1-HinFIAA – 127.966 (125.000, 132.787), в то время как показатель у коров с генотипом bPit-1-HinFIBB составляет 124.167 (111.864, 131.026). Полиморфизм bIGF-1-SnaBI был связан с показателем живой массы казахского белоголового скота. По результатам исследования, животные с генотипом bIGF-1-SnaBIBB во все возрастные периоды характеризуются сниженной живой массой по сравнению с животными с генотипами bIGF-1-SnaBIAB и bIGF-1-SnaBIAA (Бейшова И.С. и др., 2017б).

В продолжение вышеупомянутых исследований были изучены генетические ассоциации нуклеотидных последовательностей с признаками качества мяса у мясного скота с использованием общегеномного однонуклеотидного полиморфизма (SNP). Исследуемые животные были генотипированы с помощью Beadchip Illumina BovineSNP50 и 39 129 SNPs и каждый проанализирован по фенотипу. Пять маркеров последовательности были связаны с одним из признаков качества мяса: rs109593638 – на хромосоме 3 с показателем мраморности, rs109821175 – на хромосоме 11, rs110862496 – на хромосоме 13 с показателем толщины жировой ткани, rs110228023 – на хромосоме 6 и rs110201414 – на хромосоме 16 с показателем толщины мышечной ткани. Следует отметить, что по результатам исследования для животных с генотипом CC были характерны лучшие показатели по качеству мяса (Ross EM et al., 2013).

Немаловажно учесть, что при отборе мясного скота учитывается поедаемость, которая имеет непосредственное отношение к определению продуктивной и экономической эффективности, в связи с этим авторы поставили цель выявить гены, связанные с данным фенотипом. Для этого восемь генов были дифференцированно экспрессированы между исследуемыми животными. Анализ коэкспрессии выявил 34 генных модуля, из которых 4 были сильно связаны с признаками поедаемости. Всего было обнаружено 8 экспрессий генов, влияющих на поедаемость (Lawrence P et al., 2013; Carberry CA et al., 2014; Orsavova J et al., 2015).

Авторы изучили влияние аллельных вариантов гена bPit-1 на мясную продуктивность Аулиекольской и казахской белоголовых пород. Установлено, что генотип bPit-1-HinFIAA достоверно ассоциирован с повышением суточного прироста живой массы у животных породы Аулиеколь как по отношению к альтернативным генотипам, так и к образцу в целом, и может быть рекомендован в качестве генетического маркера (Бейшова И.С. и др., 2017а).

Так, при изучении влияния полиморфных генов bPit-1, bGH и bGHR на мясную продуктивность крупного рогатого скота Аулиекольской породы генотипы были идентифицированы как предпочтительные и нежелательные. В результате фенотипического влияния генотипа bPit-1-HinFIAA по сравнению с общей выборкой было показано, что данный генотип может стать фактором в качестве маркера повышенной продуктивности только в возрасте 24 месяцев, поскольку в возрасте 18 месяцев живая масса особей этой группы находится в пределах показателей общей выборки (Бейшова И.С. и др., 2017б).

Одним из генов, влияющих на мясную продуктивность, является ген миостатина (MSTN) (Wiener P et al., 2009; Sumantri C et al., 2012; Трухачев В.И. и др., 2018). Miretti S с коллегами (2013) изучали данные контрольного убоя помесных бычков герефорд×чёрно-пёстрая порода в связи с генотипами гена миостатина (MSTN). Отмечено превосходство генотипа BB по всем убойным показателям над носителями генотипа AA. По убойной массе животных превосходство составило 5,4 % (17,5 кг; $P>0,05$), а по массе парной туши – 9,4 % (26,1 кг; $P>0,05$). Наиболее высокий выход мяса, по сравнению со сверстниками, при убое в 16-месячном возрасте получен от особей-носителей ге-

нотипа MSTNBB. При этом отмечено, что по коэффициенту мясности носители генотипа ВВ превосходили сверстников на 4,8-9,8 %.

В работе Naderi S с соавторами (2018) были изучены ассоциации полиморфизмов гена рецептора инсулиноподобного фактора роста 2 (IGF2R) с молочными признаками у голштино-фризских коров. Данный фактор роста рассматривается как генетический маркер, влияющий на производство молока и на качество мяса у сельскохозяйственных животных. В гене IGF2R крупного рогатого скота были выявлены два новых генетических полиморфизма: полиморфный TG-повтор в интроне 23 (g.72389 (TG)15-67) и g.72479 G>SNP RFLP-stii в экзоне 24. По результатам исследования выявлено, что генотип G/A связан с удоем молока и молочным белком, содержанием лактозы и количеством соматических клеток. Генотипы TGN (29/22, 28/29, 28/22, 28/28) были связаны с высоким удоем молока, (28/22, 28/23) – с содержанием белка и жира, (25/20) – с содержанием лактозы. Авторы предложили, что полиморфизмы гена IGF2R могут быть полезными генетическими маркерами для учёта признаков молочного производства у крупного рогатого скота.

Роль однонуклеотидных замен в иммунной защите животных. Немаловажным в селекционной работе является и определение генов устойчивости к различным заболеваниям (Arzt J et al., 2014; Auty H et al., 2015; Mekata H et al., 2015; Ridpath JF et al., 2015; Juliarena MA et al., 2016; Banos G et al., 2017; Raphaka K, 2017).

Для сокращения экономических потерь необходимо выявление генетических аномалий: заболевание синдрома иммунодефицита (BLAD-CD18), заболевание комплексного порока позвоночника (CVM), мутация дефицита уридин монофосфатсинтазы (DUMPS), заболевание синдрома Brachyspina (BS), выявление цитруллинемии (BC), заболевание дефицита коагуляционного фактора крови XI (FXI) (van der Spek D et al., 2015; Castillo-López RI et al., 2017).

Известны исследования по изучению полиморфизмов CSN3, PRL, BLG, TNF-α генов наряду с иммуногенетической характеристикой коров симментальской породы, выращиваемых в степной и горной зонах. Методом ПЦР выявлены генотипы изучаемых генов, определена их частота в разных стадах и рассчитаны популяционно-генетические параметры. Отмечается, что в стадах степной зоны наблюдается более низкая, на 0,179, частота генотипа AA и более высокая, на 0,142, генотипа AB гена k-казеина, в сравнении со стадами горной зоны разведения. Однако более чем на 0,70 ген PRL представлен гомозиготным генотипом AA. При этом частота генотипов гена BLG и TNF-α в сравниваемых популяциях симменталов не имела значимых различий. При сравнении гомозиготности генов в стадах отмечается, что наиболее высокое её значение наблюдалось по гену PRL в обоих стадах (72,1-76,3 %). По остальным генам соотношение гомо- и гетерозиготных генотипов находилось на одном уровне, за исключением гена CSN3 (Saatchi M et al., 2012; Shevhuzhev A et al., 2017).

Повышение резистентности к болезням в животноводстве может быть достигнуто с помощью генетических программ улучшения (Tucker MA et al., 2015; Jenko J et al., 2019). Наиболее хорошо охарактеризован генетический контроль резистентности к заболеваниям и иммунный ответ у животных, связанный с главным комплексом гистосовместимости (ГКГ). Ответ на специфические антигены тесно связан с генами ГКГ, и поэтому их ассоциации могут дать ценные ответы на основные вопросы о взаимодействии патогена-хозяина. У крупного рогатого скота существует связь между обладанием определённым локусом BoLA-DRB3 (ГКГ class II) и резистентностью или восприимчивостью к инфекционным заболеваниям. В исследовании распознано 39 различных аллелей, также были определены частоты аллелей в общей выборке. Высокие частоты этих аллелей (gbb, fbd и fba) составили 8,75, 8,75 и 6,25 % соответственно. Кроме того, BoLA-DRB3.2*11, DRB3*2701 и DRB3*0701 были связаны с устойчивостью к вирусу бычьего лейкоза, в то время как аллель DRB3.2*01 был связан с более высокой стабильностью к ящуру. Наконец, аллели DRB3*2701 и DRB3*1101 также ассоциировались с более высоким риском развития мастита (Medrano-Galarza C et al., 2012; Verma A et al., 2013).

Таким образом, модифицированный и апробированный ПЦР-ПДРФ метод подходит для массового типирования животных и позволяет точно идентифицировать аллели генов Bola DRB3.

Метод рекомендуется использовать для определения аллельного полиморфизма гена BOLA-DRB3 в сперме быков-производителей (Mekata H et al., 2015).

Выводы.

В связи с вышесказанным однозначно ясно, что дальнейшее проведение научно-исследовательских работ, направленных на разработку фундаментальных основ зоотехнии в рамках изучения новых полиморфизмов генов-кандидатов, будет способствовать разработке и оптимизации методик определения генов, ответственных за формирование мясной продуктивности и качества мяса, а также коммерческой ценности животных. Результаты таких исследований позволят проводить ранний отбор перспективных животных для мясного животноводства и принимать решение о целесообразности использования особей с желательными генотипами для осуществления селекционного процесса.

Исследования выполнены в соответствии с планом НИР на 2019-2021 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ 0761-2019-0009)

Литература

1. Анализ продуктивности в группах коров аулиекольской и казахской белоголовой пород с разными генотипами полиморфизма BPIT-1-HINF1 / И.С. Бейшова, Е.В. Белая, В.П. Терлецкий, Г.Д. Чужебаева, А.А. Крутикова // Успехи современной науки и образования. 2017а. Т. 7. № 4. С. 133-138. [Beyshova IS, Belaya EV, Terletsky VP, Chuzhebaeva GD, Krutikova AA. Analysis of productivity in groups of cows of auliekol and kazakh white-head rocks with different genotypes of polymorphism BPIT-1-HINF1. Success of Modern Science and Education. 2017a;7(4):133-138. (In Russ)].
2. Генетическая структура поголовья быкопроизводящих коров аулиекольской и казахской белоголовой пород по полиморфным вариантам генов BPIT-1, BGN, BGHR / И.С. Бейшова, Е.В. Белая, Е.С. Усенбеков, В.В. Терлецкий, А.А. Крутикова, Т.В. Поддудинская // Успехи современной науки. 2017б. Т. 9. № 3. С. 37-42. [Beyshova IS, Belaya EV, Usenbekov ES, Terletskiy VP, Krutikova AA, Poddudinskaya TV. Genetic population structure bulls-producing cows auliekol and kazakh white rocks polymorphic gene variants BPIT-1, BGN, BGHR. Modern Science Success. 2017b;9(3):37-42. (In Russ)].
3. Генетические маркеры мясной продуктивности овец (*Ovis Aries* L.). сообщение I. миоастатин, кальпаин, кальпаастатин (обзор) / В.И. Трухачев, М.И. Селионова, А.Ю. Криворучко, А.М.М. Айбазов // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 6. С. 1107-1119. doi: 10.15389/agrobiology.2018.6.1107rus [Trukhachev VI, Selionova MI, Krivoruchko AYU, Aibasov AMM. Genetic markers of meat productivity of sheep (*Ovis aries* L.). I. myostatin, calpain, calpastatin (review). Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2018;53(6):1107-1119. (In Russ)]. doi: 10.15389/agrobiology.2018.6.1107eng
4. Использование метода ПЦР для генотипирования крупного рогатого скота по гену CAPN1 с использованием генетических маркеров / Д.Б. Косян, Л.Г. Сурундаева, Л.А. Маевская, Е.А. Русакова, О.В. Кван // Вестник Оренбургского государственного университета. 2012. № 6(142). С. 26-30. [Kosyan DB, Surundaeva LG, Mayevskaya LA, Rusakova YeA, Kvan OV. Using PCR for genotyping cattle by CAPN1 gene using genetic markers. Vestnik of the Orenburg State University. 2012;6:26-30. (In Russ)].
5. Полиморфизм генов bGN, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота / И.Ф. Горлов, А.А. Федюнин, Д.А. Ранделин, Г.Е. Сулимова // Генетика. 2014. Т. 50. № 12. С. 1448-1454. doi:10.7868/S0016675814120030 [Gorlov IF, Fedunin AA, Sulimova GE, Randelin DA. Polymorphisms of bGN, RORC, and DGAT1 genes in Russian beef cattle breeds. Russian Journal of Genetics. 2014;50(12):1302-1307. (In Russ)]. doi: 10.1134/S1022795414120035
6. Полиморфизм по генам соматотропина, пролактина, лептина, тиреоглобулина быков-производителей / С.В. Тюлькин, Т.М. Ахметов, Э.Ф. Валиуллина, Р.Р. Вафин // Вавиловский жур-

нал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 4/2. С. 1008-1012. [Tjulkin SV, Ahmetov TM, Valiullina EF, Vafin RR. Polymorphism of genes for somatotropin, prolactin, leptin, and thyroglobulin in stud bulls. Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2012;16(4/2):1008-1012. (In Russ)].

7. Aldai N, Lavin P, Kramer JKG, Jaroso R, Mantecón AR. Breed effect on quality veal production in mountain areas: emphasis on meat fatty acid composition. Meat Science. 2012;92(4):687-696. doi: 10.1016/j.meatsci.2012.06.024

8. Allais S, Journaux L, Leveziel H, Payet-Duprat N, Raynaud P, Holquette JF, Lepetit J, Rousse S, Denoyelle C, Bernarol-Capel C, Renand G. Effects of polymorphisms in the calpastatin and μ -calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds. Journal of Animal Science. 2011;99(1):1-11. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3063>

9. Arzt J, Pacheco JM, Smoliga GR, Tucker MT, Bishop E, Pauszek SJ, Hartwig EJ, de los Santos T, Rodriguez LL. Foot-and-mouth disease virus virulence in cattle is co-determined by viral replication dynamics and route of infection. Virology. 2014;452-453:12-22. doi.org/10.1016/j.virol.2014.01.001

10. Aschard H, Vilhjálmsson BJ, Greliche N, Morange PE, Trégouët DA, Kraft P. Maximizing the power of principal-component analysis of correlated phenotypes in genome-wide association studies. The American Journal of Human Genetics. 2014;94(5):662-676. doi: 10.1016/j.ajhg.2014.03.016

11. Asiamah PA, Bechtel DG, Waldner C, Buchanan FC. Effects of leptin Arg25Cys on peripheral mononuclear cell counts and antibody response to vaccination in beef cattle. Animal Genetic. 2009;40(5):783-787. doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01918.x

12. Auton A et al. A global reference for human genetic variation. Nature. 2015;526(7571):68-74. doi: 10.1038/nature15393

13. Auty H, Torr SJ, Michoel T, Jayaraman S, Morrison L. Cattle trypanosomosis: the diversity of trypanosomes and implications for disease epidemiology and control. Rev Sci Tech. 2015;34(2):587-598. doi: 10.20506/rst.34.2.2382

14. Aviles C, Polvillo O, Pena F, Juarez M, Martinez AL, Molina A. Association between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and SCD1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef. Journal of Animal Science. 2013;91(10):4571-4577. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6402>

15. Banos G, Winters M, Mrode R, Mitchell AP, Bishop CS, Woolliams JA, Coffey MP. Genetic evaluation for bovine tuberculosis resistance in dairy cattle. Journal of Dairy Science. 2017;100(2):1272-1281. doi.org/10.3168/jds.2016-11897

16. Bayram D, Akyüz B, Arslan K, Özdemir F, Aksel EG, Çinar MU. DGAT1, CAST and IGF-I gene polymorphisms in akkaraman lambs and their effects on live weights up to weaning age. Kafkas Universitesi Veteriner Fakultesi Dergisi. 2019;25(1):9-15. doi: 10.9775/kvfd.2018.20055

17. Bolormaa S, Hayes BJ, van der Werf JH, Pethick D, Goddard ME, Daetwyler HD. Detailed phenotyping identifies genes with pleiotropic effects on body composition. BMC Genomics. 2016;17:224. doi.org/10.1186/s12864-016-2538-0

18. Brewer S. Technological quality of meat for processing. Handbook of meat processing. Fidel Toldrá PhD, ed. USA: Wiley-Blackwell; 2010:25-42. doi: <https://doi.org/10.1002/9780813820897.ch2>

19. Broderick GA. Review: Optimizing ruminant conversion of feed protein to human food protein. Animal. 2018;12(8):1722-1734. doi: 10.1017/S1751731117002592

20. Calus MP, Bijma P, Veerkamp RF. Evaluation of genomic selection for replacement strategies using selection index theory. Journal of Dairy Science. 2015;98(9):6499-6509. doi: 10.3168/jds.2014-9192

21. Carberry CA, Waters SM, Kenny DA, Creevey CJ. Rumen methanogenic genotypes differ in abundance according to host residual feed intake phenotype and diet type. Appl Environ Microbiol. 2014;80(2):586-594. doi: 10.1128/AEM.03131-13

22. Carvalho T, Siqueira F, Torres Júnior RA, de Medeiros SR, Dias Feijó GL, Dorta de Souza Junior M, Zaidan Blecha IM, Soares CO. Association of polymorphisms in the leptin and thyroglobulin genes with meat quality and carcass traits in beef cattle. Revista Brasileira de Zootecnia. 2012;41(10):2162-2168. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982012001000004>

23. Castillo-López RI, et al. Natural alternatives to growth-promoting antibiotics (GPA) in animal production. *J Anim Plant Sci.* 2017;27(2):349-359.
24. Cheong HS, et al. A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *BMC genetics.* 2008;9(1):33. doi.org/10.1186/1471-2156-9-33
25. Chiaia HL, Peripolli E, Oliveira Silva de RM, Feitosa FLB, de Lemos MVA, et al. Genomic prediction ability for beef fatty acid profile in Nelore cattle using different pseudo-phenotypes. *Journal of applied genetics.* 2018;59(4):493-501. doi: 10.1007/s13353-018-0470-5
26. Chung H, Shin S, Chung E. Effects of genetic variants for the bovine calpain gene on meat tenderness. *Molecular Biology Reports.* 2014;41(5):2963-2970. doi: 10.1007/s11033-014-3152-3
27. de Haas Y, Pszczola M, Soyeurt H, Wall E, Lassen J. Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. *Journal of Dairy Science.* 2017;100(2):855-870. doi: 10.3168/jds.2016-11246
28. Dehnavi E, Azari M, Hasani S, Nassiry M, Mohajer M, Ahmadi A. Genetic variability of calpastatin and calpain genes in Iranian Zel sheep using PCR-RFLP and PCR-SSCP methods. *Iranian Journal of Biotechnology.* 2012;10(2):136-139.
29. Durán Aguilar M, Román Ponce SI, Ruiz López FJ, González Padilla E et al. Genome-wide association study for milk somatic cell score in Holstein cattle using copy number variation as markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* 2017;134(1):49-59. doi: 10.1111/jbg.12238
30. Durkin K, Coppieters W, Drögemüller C, Ahariz N, Cambisano N, Druet T, Kamatani Y et al. Serial translocation by means of circular intermediates underlies colour sidedness in cattle. *Nature.* 2012;482(7383):81-84. doi: 10.1038/nature10757
31. Fisher AV et al. Fatty acid composition and eating quality of lamb types derived from four diverse breed × production systems. *Meat Science.* 2000;55(2):141-147. doi: 10.1016/S0309-1740(99)00136-9
32. Giblin L, Butler ST, Kearney BM, Waters SM, Callanan MJ, Berry DP. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *BMC Genetics.* 2010;11:73. doi.org/10.1186/1471-2156-11-73
33. Giordano JO, Wiltbank MC, Fricke PM, Bas S, Pawlisch R, Guenther JN, Nascimento AB. Effect of increasing GnRH and PGF2α dose during Double-Ovsynch on ovulatory response, luteal regression, and fertility of lactating dairy cows. *Theriogenology.* 2013;80(7):773-783. doi: 10.1016/j.theriogenology.2013.07.003
34. Goddard ME, Whitelaw E. The use of epigenetic phenomena for the improvement of sheep and cattle. *Frontiers in Genetics.* 2014;5:247. doi.org/10.3389/fgene.2014.00247
35. Jatón C, Koeck A, Sargolzaei M, Malchiodi F, Price CA, Schenkel FS, Miglior F. Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. *Journal of Dairy Science.* 2016;99(5):3612-3623. doi: 10.3168/jds.2015-10349
36. Jenko J, McClure MC, Matthews D, McClure J, Johnsson M, Gorjanc G, Hickey JM. Analysis of a large dataset reveals haplotypes carrying putatively recessive lethal and semi-lethal alleles with pleiotropic effects on economically important traits in beef cattle. *Genetics Selection Evolution.* 2019;51(1):9. doi: https://doi.org/10.1186/s12711-019-0452-z
37. Juliarena MA et al. Hot topic: Bovine leukemia virus (BLV)-infected cows with low proviral load are not a source of infection for BLV-free cattle. *Journal of Dairy Science.* 2016;99(6):4586-4589. doi: 10.3168/jds.2015-10480
38. Kariuki CM, Brascamp EW, Komen H, Kahi AK, Van Arendonk JAM. Economic evaluation of progeny-testing and genomic selection schemes for small-sized nucleus dairy cattle breeding programs in developing countries. *Journal of Dairy Science.* 2017;100(3):2258-2268. doi.org/10.3168/jds.2016-11816
39. Kmiec M, Kulig H, Wierzbicki H. Polymorphism im leptin-gen in verbindung mit ausgewählten reproduktions-leistungen von ebern. (Polymorphism of the leptin gene and its association with some performance reproductive traits of boars). *Tierärztliche Umschau.* 2006;61(2):77-83.

40. Kk S, Atala S, Eken HS, Savasci M. The genetic characterization of Turkish grey cattle with regard to UoG Cast, CAPN1 316 and CAPN1 4751 markers. *Pakistan Journal of Zoology*. 2017;49(1) 297-304. doi: 10.17582/journal.pjz/2017.49.1.297.304
41. Komisarek J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms on functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*. 2010;28(2):133-141.
42. Lawrence P, Kenny DA, Earley B, McGee M. Intake of conserved and grazed grass and performance traits in beef suckler cows differing in phenotypic residual feed intake. *Livestock Science*. 2013;152(2-3):154-166. doi: 10.1016/j.livsci.2012.12.024
43. Lenis C, Ramos L, Londoo M, Hernandez D, lvarez L. Polymorphisms of the calpain and calpastatin genes in the Colombian creole Hartn del Valle cattle. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Per (RIVEP)*. 2018;29(3):818-827. doi:http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v29i3.14003
44. Li C et al. Genetic effects of FASN, PPARGC1A, ABCG2 and IGF1 revealing the association with milk fatty acids in a Chinese Holstein cattle population based on a post genome-wide association study. *BMC genetics*. 2016;17(1):110. doi: https://doi.org/10.1186/s12863-016-0418-x
45. Marino R, Albenzio M, della Malva A, Caroprese M, Santillo A, Sevi A. Changes in meat quality traits and sarcoplasmic proteins during aging in three different cattle breeds. *Meat Science*. 2014;98(2):178-186. doi: 10.1016/j.meatsci.2014.05.024
46. Martins P, Arthington JD, Cooke RF, Lamb CG, Araujo DB. Evaluation of beef cow and calf separation systems to improve reproductive performance of first-calf cows. *Livestock Science*. 2012;150(1-3):74-79. doi: http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2012.08.003
47. Medrano-Galarza C, Gibbons J, Wagner S, De Passill AM, Rushen J. Behavioral changes in dairy cows with mastitis. *Journal of Dairy Science*. 2012;95(12):6994-7002. doi: 10.3168/jds.2011-5247
48. Mekata H et al. Evaluation of the natural perinatal transmission of bovine leukaemia virus. *Veterinary Record*. 2015;176(10):254-254. doi: 10.1136/vr.102464
49. Miretti S, Martignani E, Accornero P, Baratta M. Functional effect of mir-27b on myostatin expression: a relationship in piedmontese cattle with double-muscling phenotype. *BMC genomics*. 2013;14(1):194. doi: 10.1186/1471-2164-14-194
50. Mishra A, Sanghi D, Avasthi S, Srivastava RN. Genetic polymorphism in GDF-5 gene as risk factor for development and progression of osteoarthritis knee. *Osteoarthritis and Cartilage*. 2012;20(S1):S199. doi: https://doi.org/10.1016/j.joca.2012.02.324
51. Mishra A, Sanghi D, Srivastava RN, Raj S. AB0001 Genetic polymorphism in GDF-5 gene as risk factor for development and progression of osteoarthritis. *Annals of the Rheumatic Diseases*. 2013;71(3):637-637. doi: http://dx.doi.org/10.1136/annrheumdis-2012-eular.1
52. Mudili V, Nayaka SC, Batra HS. Detection of toxigenic and pathogenic fungi targeting metabolic pathway genes. *Biotechnology of Fungal Genes*. Gupta VK, Ayyachamy M, eds. Enfield: CRC Press; 2012:307-341. doi: 10.1201/b11777
53. Naderi S, Bohlouli M, Yin T, Knig S. Genomic breeding values, SNP effects and gene identification for disease traits in cow training sets. *Animal genetics*. 2018;49(3):178-192. doi: 10.1111/age.12661
54. Neja W, Sawa A, Jankowska M, Bogucki M, Krzel-Czopek S. Effect of the temperament of dairy cows on lifetime production efficiency. *Archives Animal Breeding*. 2015;58(1):193-197. doi:https://doi.org/10.5194/aab-58-193-2015
55. Nimbona C, Kulikova NI, Butore J, Ntunzwenimana M. The results of the embryo transfer to heifers from the ayrshire breed. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2019;14(1):66-72. doi: 10.22363/2312-797X-2019-14-1-66-72
56. Oliveira de HR, Silva FF, Brito LF, Guarini AR, Jamrozik J, Schenkel FS. Comparing de-regression methods for genomic prediction of test-day traits in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2018;135(2):97-106. doi: 10.1111/jbg.12317
57. Orsavova J, Misurcova L, Ambrozova J, Vicha R, Mlcek J. Fatty acids composition of vegetable oils and its contribution to dietary energy intake and dependence of cardiovascular mortality on dietary

intake of fatty acids. *International Journal of Molecular sciences*. 2015;16(6):12871-12890. doi: 10.3390/ijms160612871

58. Papaleo Mazzucco J, Goszczynski D, Ripoli M, Melucci L, Pardo A, Colatto E, Rogberg-Muñoz A, Mezzadra C et al. Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Science*. 2016;114:121-129. doi:https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2015.12.018

59. Pinto LFB, Ferraz JBS, Meirelles FV, Eler JP, Rezende FMD, Carvalho ME et al. Association of SNPs on CAPN 1 and CAST genes with tenderness in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*. 2010;9(3):1431-1442. doi: 10.4238/vol9-3gmr881

60. Pogorzelska J, Miciński J, Ostojka H, Kowalski IM, Szarek J, Strzyżewska E. Quality traits of meat from young Limousin, Charolais and Hereford bulls. *Pak Vet J*. 2013;33(1):65-68.

61. Raphaka K, Matika O, Sánchez-Molano E, Mrode R, Coffey MP, Riggio V et al. Genomic regions underlying susceptibility to bovine tuberculosis in Holstein-Friesian cattle. *BMC genetics*. 2017;18(1):27. doi: 10.1186/s12863-017-0493-7

62. Ridpath JF, Bayles DO, Neill JD, Falkenberg SM, Bauermann FV et al. Comparison of the breadth and complexity of bovine viral diarrhoea (BVDV) populations circulating in 34 persistently infected cattle generated in one outbreak. *Virology*. 2015;485:297-304. doi: https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.07.022

63. Ross EM et al. Metagenomic predictions: from microbiome to complex health and environmental phenotypes in humans and cattle. *PloS one*. 2013;8(9):e73056. doi: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0073056

64. Rothhammer S et al. The 80-kb DNA duplication on BTA1 is the only remaining candidate mutation for the polled phenotype of Friesian origin. *Genetics Selection Evolution*. 2014;46(1):44. doi: 10.1186/1297-9686-46-44

65. Rumpold BA, Schlüter OK. Nutritional composition and safety aspects of edible insects. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2013;57(5):802-823. doi: 10.1002/mnfr.201200735

66. Saatchi M, Schnabel RD, Rolf MM, Taylor JF, Garrick DJ. Accuracy of direct genomic breeding values for nationally evaluated traits in US Limousin and Simmental beef cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2012;44(1):38. doi: 10.1186/1297-9686-44-38

67. Serra X et al. Eating quality of young bulls from three Spanish beef breed-production systems and its relationships with chemical and instrumental meat quality. *Meat Science*. 2008;79(1):98-104. doi: 10.1016/j.meatsci.2007.08.005

68. Shevchuzhev A, Belik N, Emelyanov E, Tokar A. Milk productivity of Simmental cows Austrian selection. In: 16th international scientific conference engineering for rural development, 24-26.05.2017 Jelgava, LATVIA; LV:Latvia University of Agriculture; 2017:1354-1358. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N304

69. Shmukler BE, Brugnara C, Alper SL. Structure and genetic polymorphism of the mouse KCC1 gene. *Biochimica et Biophysica Acta*. 2000;1492(2-3):353-361. doi: 10.1016/S0167-4781(00)00118-4

70. Signer-Hasler H et al. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations. *Genetics Selection Evolution*. 2017;49(1):83. doi: 10.1186/s12711-017-0358-6

71. Solovieff N, Cotsapas C, Lee PH, Purcell SM, Smoller JW. Pleiotropy in complex traits: challenges and strategies. *Nature Reviews Genetics*. 2013;14(7):483-495. doi: 10.1038/nrg3461

72. Spurlock DM, Stock ML, Coetzee JF. The impact of 3 strategies for incorporating polled genetics into a dairy cattle breeding program on the overall herd genetic merit. *Journal of Dairy Science*. 2014;97(8):5265-5274. doi: 10.3168/jds.2013-7746

73. Sumantri C, Jakaria, Yamin M, Nuraini H, Putra BW, Andreas E. Keragaman gen calpastatin, calpain 3 dan myostatin pada domba di up3 jonggol. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*. 2012;17(1):1-7. doi: http://journal.ipb.ac.id/index.php/JIPI/article/view/10165

74. Tucker MA et al. Development of genetic SSR markers in *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* and application to isolates from Australia. *Plant pathology*. 2015;64(2):337-343. doi: <https://doi.org/10.1111/ppa.12258>
75. van der Spek D, van Arendonk JAM, Bovenhuis H. Genome-wide association study for claw disorders and trimming status in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2015;98(2):1286-1295. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8302>
76. Verma A, Gupta ID, Gandhi RS. Genetic variability in production and immune function genes associated with production traits and incidence of mastitis in Indian murrah buffalo. *Editorial Board*. 2013:729.
77. Walz PH et al. Evaluation of reproductive protection against bovine viral diarrhea virus and bovine herpesvirus-1 afforded by annual revaccination with modified-live viral or combination modified-live/killed viral vaccines after primary vaccination with modified-live viral vaccine. *Vaccine*. 2017;35(7):1046-1054. doi: 10.1016/j.vaccine.2017.01.006
78. Wiedemar N et al. Independent polled mutations leading to complex gene expression differences in cattle. *PloS one*. 2014;9(3):e93435. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093435>
79. Wiener P, Woolliams JA, Frank-Lawale A, Ryan M, Richardson RI, et al. The effects of a mutation in the myostatin gene on meat and carcass quality. *Meat Science*. 2009;83(1):127-134. doi: 10.1016/j.meatsci.2009.04.010
80. Wientjes YCJ et al. Impact of QTL properties on the accuracy of multi-breed genomic prediction. *Genetics Selection Evolution*. 2015;47(1):42. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0124-6>
81. Xin L, Ekerljung M, Lundstrom K, Lunden A. Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden. *Meat Science*. 2013;94(2):153-158. doi: 10.1016/j.meatsci.2013.01.010
82. Ye MH, Chen J, Zhao G, Zheng M, Wen J. Sensitivity and specificity of high-resolution melting analysis in screening unknown SNPs and genotyping a known mutation. *Animal Science Papers and Reports*. 2010;28(2):161-170.
83. Zhou X, Stephens M. Efficient algorithms for multivariate linear mixed models in genome-wide association studies. *Nat. Methods*. 2014;11(4):407-409. doi: 10.1038/nmeth.2848

References

1. Beyshova IS, Belaya EV, Terletsky VP, Chuzhebaeva GD, Krutikova AA. Analysis of productivity in groups of cows of auliekol and kazakh white-head rocks with different genotypes of polymorphism BPIT-1-HINF1. *Success of Modern Science and Education*. 2017a;7(4):133-138.
2. Beyshova IS, Belaya EV, Usenbekov ES, Terletskiy VP, Krutikova AA, Poddudinskaya TV. Genetic population structure bulls-producing cows auliekol and kazakh white rocks polymorphic gene variants BPIT-1, BGH, BGHR. *Modern Science Success*. 2017b;9(3):37-42.
3. Trukhachev VI, Selionova MI, Krivoruchko AYU, Aibasov AMM. Genetic markers of meat productivity of sheep (*Ovis aries* L.). I. myostatin, calpain, calpastatin (review). *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2018;53(6):1107-1119. doi: 10.15389/agrobiol.2018.6.1107eng
4. Kosyan DB, Surundaeva LG, Mayevskaya LA, Rusakova YeA, Kvan OV. Using PCR for genotyping cattle by CAPN1 gene using genetic markers. *Vestnik of the Orenburg State University*. 2012;6:26-30.
5. Gorlov IF, Fedunin AA, Sulimova GE, Randelin DA. Polymorphisms of bGH, RORC, and DGAT1 genes in Russian beef cattle breeds. *Russian Journal of Genetics*. 2014;50(12):1302-1307. doi: 10.1134/S1022795414120035
6. Tjulkin SV, Ahmetov TM, Valiullina EF, Vafin RR. Polymorphism of genes for somatotropin, prolactin, leptin, and thyroglobulin in stud bulls. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2012;16(4/2):1008-1012.

7. Aldai N, Lavín P, Kramer JKG, Jaroso R, Mantecón AR. Breed effect on quality veal production in mountain areas: emphasis on meat fatty acid composition. *Meat Science*. 2012;92(4):687-696. doi: 10.1016/j.meatsci.2012.06.024
8. Allais S, Journaux L, Leveziel H, Payet-Duprat N, Raynaud P, Holquette JF, Lepetit J, Rousse S, Denoyelle C, Bernarol-Capel C, Renand G. Effects of polymorphisms in the calpastatin and μ -calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds. *Journal of Animal Science*. 2011;99(1):1-11. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3063>
9. Arzt J, Pacheco JM, Smoliga GR, Tucker MT, Bishop E, Pauszek SJ, Hartwig EJ, de los Santos T, Rodriguez LL. Foot-and-mouth disease virus virulence in cattle is co-determined by viral replication dynamics and route of infection. *Virology*. 2014;452-453:12-22. doi.org/10.1016/j.virol.2014.01.001
10. Aschard H, Vilhjálmsson BJ, Greliche N, Morange PE, Trégouët DA, Kraft P. Maximizing the power of principal-component analysis of correlated phenotypes in genome-wide association studies. *The American Journal of Human Genetics*. 2014;94(5):662-676. doi: 10.1016/j.ajhg.2014.03.016
11. Asiamah PA, Bechtel DG, Waldner C, Buchanan FC. Effects of leptin Arg25Cys on peripheral mononuclear cell counts and antibody response to vaccination in beef cattle. *Animal Genetic*. 2009;40(5):783-787. doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01918.x
12. Auton A et al. A global reference for human genetic variation. *Nature*. 2015;526(7571):68-74. doi: 10.1038/nature15393
13. Auty H, Torr SJ, Michoel T, Jayaraman S, Morrison L. Cattle trypanosomosis: the diversity of trypanosomes and implications for disease epidemiology and control. *Rev Sci Tech*. 2015;34(2):587-598. doi: 10.20506/rst.34.2.2382
14. Aviles C, Polvillo O, Pena F, Juarez M, Martinez AL, Molina A. Association between DGAT1, FABP4, LEP, RORC, and SCD1 gene polymorphisms and fat deposition in Spanish commercial beef. *Journal of Animal Science*. 2013;91(10):4571-4577. doi: <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6402>
15. Banos G, Winters M, Mrode R, Mitchell AP, Bishop CS, Woolliams JA, Coffey MP. Genetic evaluation for bovine tuberculosis resistance in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(2):1272-1281. doi.org/10.3168/jds.2016-11897
16. Bayram D, Akyüz B, Arslan K, Özdemir F, Aksel EG, Çınar MU. DGAT1, CAST and IGF-I gene polymorphisms in akkaraman lambs and their effects on live weights up to weaning age. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*. 2019;25(1):9-15. doi: 10.9775/kvfd.2018.20055
17. Bolormaa S, Hayes BJ, van der Werf JH, Pethick D, Goddard ME, Daetwyler HD. Detailed phenotyping identifies genes with pleiotropic effects on body composition. *BMC Genomics*. 2016;17:224. doi.org/10.1186/s12864-016-2538-0
18. Brewer S. Technological quality of meat for processing. *Handbook of meat processing*. Fidel Toldrá PhD, ed. USA: Wiley-Blackwell; 2010:25-42. doi: <https://doi.org/10.1002/9780813820897.ch2>
19. Broderick GA. Review: Optimizing ruminant conversion of feed protein to human food protein. *Animal*. 2018;12(8):1722-1734. doi: 10.1017/S1751731117002592
20. Calus MP, Bijma P, Veerkamp RF. Evaluation of genomic selection for replacement strategies using selection index theory. *Journal of Dairy Science*. 2015;98(9):6499-6509. doi: 10.3168/jds.2014-9192
21. Carberry CA, Waters SM, Kenny DA, Creevey CJ. Rumen methanogenic genotypes differ in abundance according to host residual feed intake phenotype and diet type. *Appl Environ Microbiol*. 2014;80(2):586-594. doi: 10.1128/AEM.03131-13
22. Carvalho T, Siqueira F, Torres Júnior RA, de Medeiros SR, Dias Feijó GL, Dorta de Souza Junior M, Zaidan Blecha IM, Soares CO. Association of polymorphisms in the leptin and thyroglobulin genes with meat quality and carcass traits in beef cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2012;41(10):2162-2168. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982012001000004>
23. Castillo-López RI, et al. Natural alternatives to growth-promoting antibiotics (GPA) in animal production. *J Anim Plant Sci*. 2017;27(2):349-359.

24. Cheong HS, et al. A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *BMC genetics*. 2008;9(1):33. doi.org/10.1186/1471-2156-9-33
25. Chiaia HL, Peripolli E, Oliveira Silva de RM, Feitosa FLB, de Lemos MVA, et al. Genomic prediction ability for beef fatty acid profile in Nelore cattle using different pseudo-phenotypes. *Journal of applied genetics*. 2018;59(4):493-501. doi: 10.1007/s13353-018-0470-5
26. Chung H, Shin S, Chung E. Effects of genetic variants for the bovine calpain gene on meat tenderness. *Molecular Biology Reports*. 2014;41(5):2963-2970. doi: 10.1007/s11033-014-3152-3
27. de Haas Y, Pszczola M, Soyeurt H, Wall E, Lassen J. Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(2):855-870. doi: 10.3168/jds.2016-11246
28. Dehnavi E, Azari M, Hasani S, Nassiry M, Mohajer M, Ahmadi A. Genetic variability of calpastatin and calpain genes in Iranian Zel sheep using PCR-RFLP and PCR-SSCP methods. *Iranian Journal of Biotechnology*. 2012;10(2):136-139.
29. Durán Aguilar M, Román Ponce SI, Ruiz López FJ, González Padilla E et al. Genome-wide association study for milk somatic cell score in Holstein cattle using copy number variation as markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2017;134(1):49-59. doi: 10.1111/jbg.12238
30. Durkin K, Coppieters W, Drögemüller C, Ahariz N, Cambisano N, Druet T, Kamatani Y et al. Serial translocation by means of circular intermediates underlies colour sidedness in cattle. *Nature*. 2012;482(7383):81-84. doi: 10.1038/nature10757
31. Fisher AV et al. Fatty acid composition and eating quality of lamb types derived from four diverse breed × production systems. *Meat Science*. 2000;55(2):141-147. doi: 10.1016/s0309-1740(99)00136-9
32. Giblin L, Butler ST, Kearney BM, Waters SM, Callanan MJ, Berry DP. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *BMC Genetics*. 2010;11:73. doi.org/10.1186/1471-2156-11-73
33. Giordano JO, Wiltbank MC, Fricke PM, Bas S, Pawlisch R, Guenther JN, Nascimento AB. Effect of increasing GnRH and PGF2α dose during Double-Ovsynch on ovulatory response, luteal regression, and fertility of lactating dairy cows. *Theriogenology*. 2013;80(7):773-783. doi: 10.1016/j.theriogenology.2013.07.003
34. Goddard ME, Whitelaw E. The use of epigenetic phenomena for the improvement of sheep and cattle. *Frontiers in Genetics*. 2014;5:247. doi.org/10.3389/fgene.2014.00247
35. Jatón C, Koeck A, Sargolzaei M, Malchiodi F, Price CA, Schenkel FS, Miglior F. Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. *Journal of Dairy Science*. 2016;99(5):3612-3623. doi: 10.3168/jds.2015-10349
36. Jenko J, McClure MC, Matthews D, McClure J, Johnsson M, Gorjanc G, Hickey JM. Analysis of a large dataset reveals haplotypes carrying putatively recessive lethal and semi-lethal alleles with pleiotropic effects on economically important traits in beef cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2019;51(1):9. doi: https://doi.org/10.1186/s12711-019-0452-z
37. Juliarena MA et al. Hot topic: Bovine leukemia virus (BLV)-infected cows with low proviral load are not a source of infection for BLV-free cattle. *Journal of Dairy Science*. 2016;99(6):4586-4589. doi: 10.3168/jds.2015-10480
38. Kariuki CM, Brascamp EW, Komen H, Kahi AK, Van Arendonk JAM. Economic evaluation of progeny-testing and genomic selection schemes for small-sized nucleus dairy cattle breeding programs in developing countries. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(3):2258-2268. doi.org/10.3168/jds.2016-11816
39. Kmiec M, Kulig H, Wierzbicki H. Polymorphism im leptin-gen in verbindung mit ausgewählten reproduktions-leistungen von ebern. (Polymorphism of the leptin gene and its association with some performance reproductive traits of boars). *Tierärztliche Umschau*. 2006;61(2):77-83.
40. Kök S, Atala S, Eken HS, Savasci M. The genetic characterization of Turkish grey cattle with regard to UoG Cast, CAPN1 316 and CAPN1 4751 markers. *Pakistan Journal of Zoology*. 2017;49(1) 297-304. doi: 10.17582/journal.pjz/2017.49.1.297.304

41. Komisarek J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphism on functional traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*. 2010;28(2):133-141.
42. Lawrence P, Kenny DA, Earley B, McGee M. Intake of conserved and grazed grass and performance traits in beef suckler cows differing in phenotypic residual feed intake. *Livestock Science*. 2013;152(2-3):154-166. doi: 10.1016/j.livsci.2012.12.024
43. Lenis C, Ramos L, Londoño M, Hernandez D, Álvarez L. Polymorphisms of the calpain and calpastatin genes in the Colombian creole Hartón del Valle cattle. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú (RIVEP)*. 2018;29(3):818-827. doi: <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v29i3.14003>
44. Li C et al. Genetic effects of FASN, PPARGC1A, ABCG2 and IGF1 revealing the association with milk fatty acids in a Chinese Holstein cattle population based on a post genome-wide association study. *BMC genetics*. 2016;17(1):110. doi: <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0418-x>
45. Marino R, Albenzio M, della Malva A, Caroprese M, Santillo A, Sevi A. Changes in meat quality traits and sarcoplasmic proteins during aging in three different cattle breeds. *Meat Science*. 2014;98(2):178-186. doi: 10.1016/j.meatsci.2014.05.024
46. Martins P, Arthington JD, Cooke RF, Lamb CG, Araujo DB. Evaluation of beef cow and calf separation systems to improve reproductive performance of first-calf cows. *Livestock Science*. 2012;150(1-3):74-79. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2012.08.003>
47. Medrano-Galarza C, Gibbons J, Wagner S, De Passillé AM, Rushen J. Behavioral changes in dairy cows with mastitis. *Journal of Dairy Science*. 2012;95(12):6994-7002. doi: 10.3168/jds.2011-5247
48. Mekata H et al. Evaluation of the natural perinatal transmission of bovine leukaemia virus. *Veterinary Record*. 2015;176(10):254-254. doi: 10.1136/vr.102464
49. Miretti S, Martignani E, Accornero P, Baratta M. Functional effect of mir-27b on myostatin expression: a relationship in piedmontese cattle with double-muscle phenotype. *BMC genomics*. 2013;14(1):194. doi: 10.1186/1471-2164-14-194
50. Mishra A, Sanghi D, Avasthi S, Srivastava RN. Genetic polymorphism in GDF-5 gene as risk factor for development and progression of osteoarthritis knee. *Osteoarthritis and Cartilage*. 2012;20(S1):S199. doi: <https://doi.org/10.1016/j.joca.2012.02.324>
51. Mishra A, Sanghi D, Srivastava RN, Raj S. AB0001 Genetic polymorphism in GDF-5 gene as risk factor for development and progression of osteoarthritis. *Annals of the Rheumatic Diseases*. 2013;71(3):637-637. doi: <http://dx.doi.org/10.1136/annrheumdis-2012-eular.1>
52. Mudili V, Nayaka SC, Batra HS. Detection of toxigenic and pathogenic fungi targeting metabolic pathway genes. *Biotechnology of Fungal Genes*. Gupta VK, Ayyachamy M, eds. Enfield: CRC Press; 2012:307-341. doi: 10.1201/b11777
53. Naderi S, Bohloul M, Yin T, König S. Genomic breeding values, SNP effects and gene identification for disease traits in cow training sets. *Animal genetics*. 2018;49(3):178-192. doi: 10.1111/age.12661
54. Neja W, Sawa A, Jankowska M, Bogucki M, Krężel-Czopek S. Effect of the temperament of dairy cows on lifetime production efficiency. *Archives Animal Breeding*. 2015;58(1):193-197. doi: <https://doi.org/10.5194/aab-58-193-2015>
55. Nimbona C, Kulikova NI, Butore J, Ntunzwenimana M. The results of the embryo transfer to heifers from the ayrshire breed. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2019;14(1):66-72. doi: 10.22363/2312-797X-2019-14-1-66-72
56. Oliveira de HR, Silva FF, Brito LF, Guarini AR, Jamrozik J, Schenkel FS. Comparing de-regression methods for genomic prediction of test-day traits in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2018;135(2):97-106. doi: 10.1111/jbg.12317
57. Orsavova J, Misurcova L, Ambrozova J, Vicha R, Mlcek J. Fatty acids composition of vegetable oils and its contribution to dietary energy intake and dependence of cardiovascular mortality on dietary intake of fatty acids. *International Journal of Molecular sciences*. 2015;16(6):12871-12890. doi: 10.3390/ijms160612871
58. Papaleo Mazzucco J, Goszczynski D, Ripoli M, Melucci L, Pardo A, Colatto E, Rogberg-Muñoz A, Mezzadra C et al. Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and

cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Science*. 2016;114:121-129. doi:<https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2015.12.018>

59. Pinto LFB, Ferraz JBS, Meirelles FV, Eler JP, Rezende FMD, Carvalho ME et al. Association of SNPs on CAPN 1 and CAST genes with tenderness in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*. 2010;9(3):1431-1442. doi: 10.4238/vol9-3gmr881

60. Pogorzelska J, Miciński J, Ostoja H, Kowalsk IM, Szarek J, Strzyżewska E. Quality traits of meat from young Limousin, Charolais and Hereford bulls. *Pak Vet J*. 2013;33(1):65-68.

61. Raphaka K, Matika O, Sánchez-Molano E, Mrode R, Coffey MP, Riggio V et al. Genomic regions underlying susceptibility to bovine tuberculosis in Holstein-Friesian cattle. *BMC genetics*. 2017;18(1):27. doi: 10.1186/s12863-017-0493-7

62. Ridpath JF, Bayles DO, Neill JD, Falkenberg SM, Bauermann FV et al. Comparison of the breadth and complexity of bovine viral diarrhoea (BVDV) populations circulating in 34 persistently infected cattle generated in one outbreak. *Virology*. 2015;485:297-304. doi: <https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.07.022>

63. Ross EM et al. Metagenomic predictions: from microbiome to complex health and environmental phenotypes in humans and cattle. *PloS one*. 2013;8(9):e73056. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0073056>

64. Rothammer S et al. The 80-kb DNA duplication on BTA1 is the only remaining candidate mutation for the polled phenotype of Friesian origin. *Genetics Selection Evolution*. 2014;46(1):44. doi: 10.1186/1297-9686-46-44

65. Rumpold BA, Schlüter OK. Nutritional composition and safety aspects of edible insects. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2013;57(5):802-823. doi: 10.1002/mnfr.201200735

66. Saatchi M, Schnabel RD, Rolf MM, Taylor JF, Garrick DJ. Accuracy of direct genomic breeding values for nationally evaluated traits in US Limousin and Simmental beef cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2012;44(1):38. doi: 10.1186/1297-9686-44-38

67. Serra X et al. Eating quality of young bulls from three Spanish beef breed-production systems and its relationships with chemical and instrumental meat quality. *Meat Science*. 2008;79(1):98-104. doi: 10.1016/j.meatsci.2007.08.005

68. Shevchuzhev A, Belik N, Emelyanov E, Tokar A. Milk productivity of Simmental cows Austrian selection. In: 16th international scientific conference engineering for rural development, 24-26.05.2017 Jelgava, LATVIA; LV:Latvia University of Agriculture; 2017:1354-1358. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N304

69. Shmukler BE, Brugnara C, Alper SL. Structure and genetic polymorphism of the mouse KCC1 gene. *Biochimica et Biophysica Acta*. 2000;1492(2-3):353-361. doi: 10.1016/s0167-4781(00)00118-4

70. Signer-Hasler H et al. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations. *Genetics Selection Evolution*. 2017;49(1):83. doi: 10.1186/s12711-017-0358-6

71. Solovieff N, Cotsapas C, Lee PH, Purcell SM, Smoller JW. Pleiotropy in complex traits: challenges and strategies. *Nature Reviews Genetics*. 2013;14(7):483-495. doi: 10.1038/nrg3461

72. Spurlock DM, Stock ML, Coetzee JF. The impact of 3 strategies for incorporating polled genetics into a dairy cattle breeding program on the overall herd genetic merit. *Journal of Dairy Science*. 2014;97(8):5265-5274. doi: 10.3168/jds.2013-7746

73. Sumantri C, Jakaria, Yamin M, Nuraini H, Putra BW, Andreas E. Keragaman gen calpastatin, calpain 3 dan myostatin pada domba di up3 jonggol. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*. 2012;17(1):1-7. doi: <http://journal.ipb.ac.id/index.php/JIPI/article/view/10165>

74. Tucker MA et al. Development of genetic SSR markers in *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* and application to isolates from Australia. *Plant pathology*. 2015;64(2):337-343. doi: <https://doi.org/10.1111/ppa.12258>

75. van der Spek D, van Arendonk JAM, Bovenhuis H. Genome-wide association study for claw disorders and trimming status in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2015;98(2):1286-1295. doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8302>

76. Verma A, Gupta ID, Gandhi RS. Genetic variability in production and immune function genes associated with production traits and incidence of mastitis in Indian murrah buffalo. Editorial Board. 2013;729.
77. Walz PH et al. Evaluation of reproductive protection against bovine viral diarrhea virus and bovine herpesvirus-1 afforded by annual revaccination with modified-live viral or combination modified-live/killed viral vaccines after primary vaccination with modified-live viral vaccine. *Vaccine*. 2017;35(7):1046-1054. doi: 10.1016/j.vaccine.2017.01.006
78. Wiedemar N et al. Independent polled mutations leading to complex gene expression differences in cattle. *PloS one*. 2014;9(3):e93435. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093435>
79. Wiener P, Woolliams JA, Frank-Lawale A, Ryan M, Richardson RI, et al. The effects of a mutation in the myostatin gene on meat and carcass quality. *Meat Science*. 2009;83(1):127-134. doi: 10.1016/j.meatsci.2009.04.010
80. Wientjes YCJ et al. Impact of QTL properties on the accuracy of multi-breed genomic prediction. *Genetics Selection Evolution*. 2015;47(1):42. doi: <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0124-6>
81. Xin L, Ekerljung M, Lundstrom K, Lunden A. Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden. *Meat Science*. 2013;94(2):153-158. doi: 10.1016/j.meatsci.2013.01.010
82. Ye MH, Chen J, Zhao G, Zheng M, Wen J. Sensitivity and specificity of high-resolution melting analysis in screening unknown SNPs and genotyping a known mutation. *Animal Science Papers and Reports*. 2010;28(2):161-170.
83. Zhou X, Stephens M. Efficient algorithms for multivariate linear mixed models in genome-wide association studies. *Nat. Methods*. 2014;11(4):407-409. doi: 10.1038/nmeth.2848

Колпаков Владимир Иванович, кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник лаборатории селекции мясного скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: 8(3532)30-81-74, e-mail: vkolpakov056@yandex.ru

Поступила в редакцию 10 декабря 2020 г.; принята после решения редколлегии 14 декабря 2020 г.; опубликована 31 декабря 2020 г. / Received: 10 December 2020; Accepted: 14 December 2020; Published: 31 December 2020