

4. Фосфор в рационе свиней: ключевой элемент для здоровья и продуктивности [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://piginfo.ru/sovety-ekspertov/fosfor-v-ratsione-sviney-klyuchevoy-element-dlya-zdorovya-i-produktivnosti/>. – Дата доступа: 11.02.2026.
5. Bikker, P. Phosphorus and calcium requirements of growing pigs and sows / P. Bikker, M. C. Blok. – Wageningen, 2017. – 72 p.
6. Кучинский, М. П. Болезни обмена веществ у сельскохозяйственных животных и их профилактика / М. П. Кучинский // Наука и инновации. – 2014. – № 8(138). – С. 15-20.
7. Комлацкий, В. И. Биология и этология свиней: учеб. пособие / В. И. Комлацкий, Л. Ф. Величко, В. А. Величко. – Краснодар: КубГАУ, 2017. – 137 с.
8. Кислинская, Л. Г. Биохимические показатели сыворотки крови помесных свиней в возрасте 2 и 6 мес / Л. Г. Кислинская, В. М. Мешков, А. П. Жуков. – Оренбург, 2014. – С. 92-94.

УДК 636.082.2

ПРЕИМУЩЕСТВА ОЦЕНКИ ПЛЕМЕННОЙ ЦЕННОСТИ МОЛОЧНОГО СКОТА ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ С ПРИВЛЕЧЕНИЕМ ГЕНОМНЫХ ДАННЫХ

Березовик Р. В., Храмченко Н. М.

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь.

***Аннотация.** В исследовании представлен сравнительный анализ величин надежности (REL) прогноза племенной ценности быков голштинской породы молочного скота, рассчитанные методами BLUP и ssGBLUP.*

***Summary.** The study presents a comparative analysis of reliability values (REL) for the breeding value in Holstein dairy cattle bulls, calculated using the BLUP and ssGBLUP methods.*

***Ключевые слова:** быки, голштинская порода, надежность оценки племенной ценности, геномная оценка.*

***Key words:** bulls, Holstein breed, reliability of breeding value, genomic evaluation.*

Методология BLUP, основанная на использовании смешанных линейных моделей для разделения систематических и случайных факторов, обеспечивает получение оценок племенной ценности, не искаженных влиянием различных факторов на изменчивость фенотипических данных. Данная методология является мощным инструментом для селекционной работы, способствующим ускорению генетического прогресса в сельском хозяйстве [1].

Достижения в области общегеномных панелей однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) позволили преодолеть недостатки традиционных методов BLUP, основанных на использовании родственных связей (матрицы родства). С помощью SNP можно точно, экономично и эффективно прогнозировать геномную племенную ценность (GEBV), даже у молодых

животных. Надежность (REL) геномного отбора по селекционируемым признакам может быть повышена за счет использования геномной матрицы родства [2].

Ранее для расчета GEBV использовался двухэтапный метод оценки GEBV [3]. На первом этапе расчетов формировалась так называемая генетическая база (референсная популяция), которая представляет собой генотипированных животных, имеющих племенную ценность (EBV), рассчитанную по данным потомства (традиционный BLUP), на основе ее строились взаимосвязи между племенной ценностью (EBV) и SNP. Вторым этапом процедуры является расчет GEBV для животных, используя только данные генотипирования (SNP) и взаимосвязи с племенной ценностью (EBV) определенные в референсной популяции. Одной из проблем данного метода является референсная популяция, лежащая в основе расчета GEBV, которая должна быть актуальной и генетически соответствовать животным, для которых производится расчет [4].

Для того чтобы избежать проблем второго шага двухэтапного метода, Legarra A. et al., Misztal et al. предложили одноэтапную процедуру расчета GEBV, в которой все животные оцениваются одновременно по одному набору данных. Они нашли возможность интегрировать информацию матрицы аддитивных взаимосвязей (родства) (A) и матрицы молекулярно-генетических маркеров SNP (G) в комбинированную матрицу (H) и разработали метод одноэтапного (Single Step) геномного BLUP (ssGBLUP). Матрица H – это обычная матрица родственных связей, модифицированная путем включения геномных данных. Метод ssGBLUP объединяет всю доступную фенотипическую, родословную и геномную информацию в одной процедуре расчета значений геномной племенной ценности для генотипированных и негенотипированных животных с помощью комбинированной матрицы H, это позволяет использовать всю доступную информацию в программах генетического улучшения разных видов сельскохозяйственных животных [5, 6, 7].

Подходы, использующие геномную информацию, позволяют еще больше повысить точность оценок за счет учета данных о ДНК-маркерах (SNP). Их применение наиболее целесообразно при наличии ошибок в данных первичного учета происхождения или отсутствии информации о происхождении животных. Также они позволяют проводить ранний прогноз племенной ценности животных, что сказывается на темпе генетического совершенствования популяции [1].

Цель исследования – сравнительный анализ величин надежности (REL) племенной (генетической) ценности признаков молочной продуктивности, рассчитанных классическим методом BLUP и с привлечением геномных данных ssGBLUP.

Расчет племенной ценности методами BLUP и ssGBLUP проведен с использованием данных опытной популяции животных в количестве – 2 233 078 голов за 10 лет наблюдений, выгруженной из ИС «Племдело КРС» по состоянию на 01.07.2023.

Для расчета племенной ценности и дисперсий по признакам молочной продуктивности использовалась однопризнаковая модель животного смешанного типа: $Y_{klm} = HYS_k + AGE_{cl} + a_m + e_{klm}$, где Y_{klm} – продуктивность m -го животного, k -го хозяйства-года-сезона лактации, l -го возраста отела; HYS_k – фиксированный фактор хозяйства-года-сезона лактации; AGE_{cl} – фиксированный фактор возраста первого отела, a_m – рандомизированный эффект m -го животного; e_{klm} – рандомизированный эффект не учтенных факторов. Расчет дисперсий проведен методом ограниченного максимального правдоподобия (REML) при помощи программного обеспечения AIREMLF90, а племенной ценности – BLUPF90 [8].

Племенные быки (3045 голов) были генотипированы на чипах (BeadChip) средней плотности Illumina BovineSNP50_v3.

Для определения влияния использования геномных данных на величину надежности оценки племенной ценности по признакам молочной продуктивности племенных быков проведен анализ распределения животных в зависимости от количества дочерей, по которым рассчитана оценка племенной ценности (рисунок 1). Из всех прогенотипированных быков 2267 голов имели дочерей с записями по молочной продуктивности. Установлено, что большинство быков (90,7 %) получили оценку по более чем 20 дочерям.

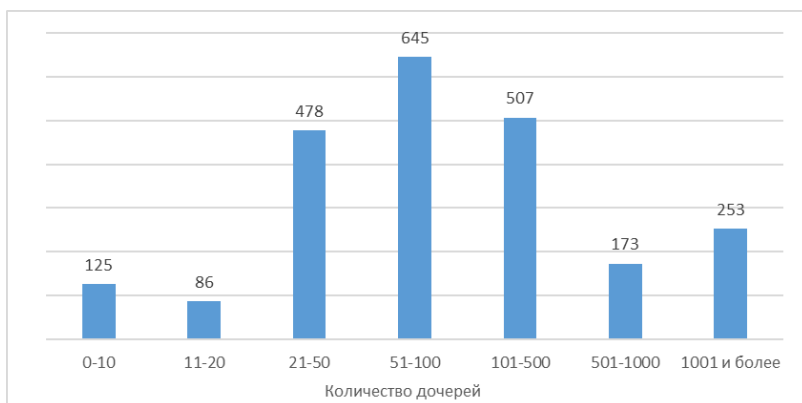


Рисунок 1 – Распределение генотипированных быков по количеству оцененных дочерей (n – 2267)

Анализ надежности оценки племенной ценности быков в зависимости от метода оценки племенной ценности в разрезе количества дочерей представлен на рисунках 2-4.

Установлено, что использование геномных данных оказывает значительное влияние на величину прогноза племенной ценности быков-производителей, оцененных по 100 и менее дочерям, так при наличии до 10 (включительно) дочерей точность прогноза признаков молочной продуктивности увеличилась на 15,2-16,6 %; 11-20 дочерей – на 7,2-10,0 %; 21-50 дочерей – 3,1-5,1 %; 51-100 дочерей – 1,1-2,4 %. У быков, оцененных по более 100 дочерям, геномные данные практически не оказывали влияние на точность прогноза племенной ценности.

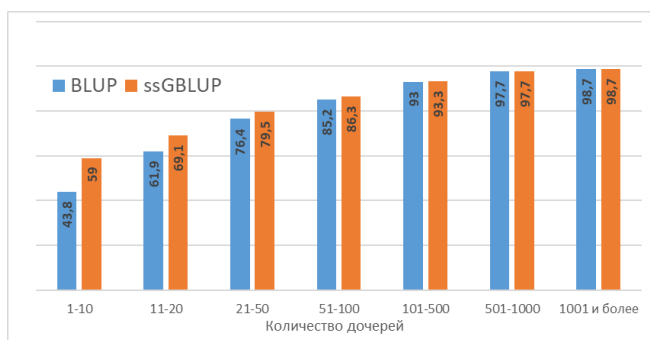


Рисунок 2 – Сравнительный анализ надежности прогноза племенной ценности племенных быков по удою

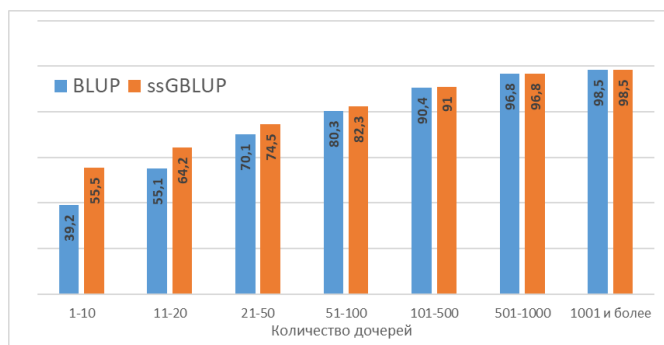


Рисунок 3 – Сравнительный анализ надежности прогноза племенной ценности племенных быков по содержанию жира в процентах

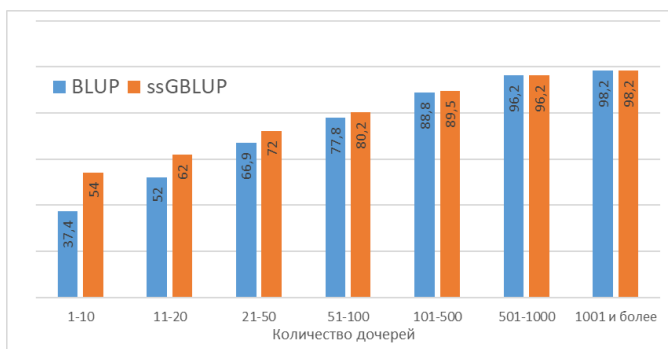


Рисунок 4 – Сравнительный анализ надежности прогноза племенной ценности племенных быков по содержанию белка в процентах

Главным преимуществом, сделавшим использование геномных данных при расчете племенной ценности основным методом оценки в странах с развитым животноводством, является возможность раннего прогноза племенной ценности молодых быков.

В наших исследованиях 778 голов прогенотипированных животных не имели записей о продуктивности дочерей, их племенная ценность была рассчитана исключительно по данным генотипирования.

В среднем показатель надежности племенной ценности признаков молочной продуктивности колебался в пределах 44,6-46,9 % со стандартным отклонением 5,4-5,5 %. Максимальные значения надежности геномного прогноза достигали 57-59 %, что выше уровня, принятого для использования быков в селекции молочного скота, оцененного по качеству потомства.

ЛИТЕРАТУРА

1. Отрадных, П. И. BLUP-модели в селекции сельскохозяйственных животных: теория и практика / П. И. Отрадных // Успехи наук о животных. – 2024;1(1):52-70.
2. Misztal I, Aggrey SE, Muir WM. Experiences with a single-step genome evaluation. Poult Sci. 2013;92: 2530–2534. 10.3382/ps.2012-02739.
3. Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics 157:1819-1829.
4. History of genetic evaluation methods in dairy cattle [Электронный ресурс]. – 2014. – Режим доступа: <https://animalbiosciences.uoguelph.ca/~lrs/piksLRS/GrosuBook.pdf>.
5. Misztal I, Aguilar I, Legarra A., Tsuruta S., Johnson D.L., Lawlor T. J. 2010. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree and genomic information for genetic evaluation. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany. Paper 0050.
6. Ducrocq V., Legarra A. 2011. Interbull Meeting. Stavanger, Norway, August 2011, Legarra A., Aguilar I., Misztal I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. J. Dairy Sci. 2009; 92:4656–4663.

7. Tsuruta S, Misztal I, Aguilar I, Lawlor TJ. Multiple-trait genomic evaluation of linear type traits using genomic and phenotypic data in US Holsteins. J Dairy Sci. 2011;94: 4198–4204. 10.3168/jds.2011-4256.
8. Misztal I., Lourenco D., Aguilar I., Legarra A., Vitezica Z. Manual for BLUPF90 Family of Programs. University of Georgia; Athens, GA, USA: 2015.

УДК 619:616.9:636,2

СПЕЦИФИЧЕСКАЯ ПРОФИЛАКТИКА НЕКРОБАКТЕРИОЗА И ЕЕ ВЛИЯНИЕ НА РАЗВИТИЕ ГНОЙНО-НЕКРОТИЧЕСКИХ ПОРАЖЕНИЙ У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

Бублов А. В., Лазовский В. А.

УО «Витебская ордена «Знак Почета» государственная академия
ветеринарной медицины»
г. Витебск, Республика Беларусь

***Аннотация.** В статье представлены результаты исследований по испытанию противонекробактериозных вакцин в однотипных условиях и установлено их влияние на развитие гнойно-некротических поражений некробактериозной этиологии у крупного рогатого скота.*

***Summary.** The article presents the results of studies on testing anti-necrobacteriosis vaccines under similar conditions and establishes their influence on the development of purulent-necrotic lesions of necrobacteriosis etiology in cattle.*

***Ключевые слова:** коровы, некробактериоз, течение и симптомы, естественная резистентность, вакцинация.*

***Key words:** cows, necrobacteriosis, course and symptoms, natural resistance, vaccination.*

В настоящее время по-прежнему гнойно-некротические поражения животных некробактериозной этиологии являются заболеваниями-спутниками сельскохозяйственного производства, поражающие высокопродуктивные молочные стада с локализацией патологического процесса в области дистальных участков конечностей. В отдельных случаях нами диагностированы от 2 до 4 различных патологий у животных: бурситы, абсцессы, флегмоны, язвы, раны венчика, межпальцевой щели и мякисей, пододерматиты, оститы копытцевой кости. Одновременно некротический процесс у некоторых животных может захватывать также половой аппарат. Первичные поражения в большинстве случаев осложняются метастазами во внутренних органах (чаще печень), мышечной ткани. Эти патологии вызывают у животных боль, хромоту, нарушения функции желудочно-кишечного тракта и, как следствие, снижение молочной продуктивности и упитанности, бесплодие и часто приводят к преждевременной