



Причины выбытия коров в зависимости от уровня гомозиготности и геномного инбридинга отцов

© 2026. И. С. Недашковский¹✉, А. Ф. Контэ¹, А. А. Сермягин², Д. Н. Кольцов³, В. В. Волкова¹

¹ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», пос. Дубровицы, Московская область, Российская Федерация,

²Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», г. Санкт-Петербург, Российская Федерация,

³ФГБНУ Федеральный научный центр лубяных культур, г. Тверь, Российская Федерация

Изучены причины выбытия коров в зависимости от уровня гомозиготности и геномного инбридинга быков-отцов. Проведен анализ генетического материала 307 племенных быков голштинской и черно-пестрой пород с количеством дочерей 34280 голов. Для расчета уровня гомозиготности (Ca) использовали мультиплексную панель из 12 микросателлитных локусов: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225, BM1824 с непосредственным расчетом индивидуальной гомозиготности как отношения количества гомозиготных локусов к общему количеству анализируемых локусов с полными данными. Для геномного инбридинга (F_{гн}) использовали биочип Illumina Bovine SNP50K v2 BeadChip плотностью 54609 SNP. Коэффициент F_{гн} определяли как отношение суммы всех длин ROH в миллионах пар нуклеотидов (м.п.н.) в геноме быка-производителя к общему размеру генома в м.п.н. для 29 аутомом крупного розатого скота, перекрываемых SNP, выраженному в процентах. Повышение уровня Ca сопровождается увеличением показателей выбраковки животных из-за проблем с конечностями на 0,882%. К остальным наиболее значимым в процентном выражении причинам можно отнести: трудные роды и осложнения, увеличение на 0,263 %; остеопороз – на 0,172 %; зообрак – на 1,818 %; прочие неинфекционные болезни – на 0,533 %; мастит – 0,384 %. С ростом уровня F_{гн} увеличивается процент выбытия животных по таким причинам, как: болезни конечностей – на 2,019 %; трудные роды и осложнения – на 1,471 %; гинекологические болезни – на 0,964 %; болезни дыхательной системы – на 0,146 %; атрофия вымени – 0,696 %; бурсит – на 0,364 %; мастит – на 0,774 %; кетоз – на 0,044 %; зообрак – на 4,841 %; артрит – на 0,394 % и другие. Можно констатировать, что в группах инбредных животных зафиксировано повышение частоты выбытия на 0,011–4,840 %. Отмечено достоверное различие между группами по всем выборкам по критерию Бартлетта и g-критерию Кохрена на уровне значимости $\alpha = 0,05$. Все расчетные значения Хи-квадрата Пирсона во всех группах были ниже критического уровня, при этом p-value превышал 0,05.

Ключевые слова: голштинский скот, выбраковка, паттерны гомозиготности, F_x, Ca, F_{гн}

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (№124020200029-4, FGGN-2024-0013).

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Сермягин А. А., Кольцов Д. Н., Волкова В. В. Причины выбытия коров в зависимости от уровня гомозиготности и геномного инбридинга отцов. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2026;27(1):164–177. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.1.164-177>

Поступила: 24.07.2025

Принята к публикации: 12.02.2026

Опубликована онлайн: 27.02.2026

Reasons for the culling of cows depending on the level of homozygosity and genomic inbreeding of fathers

© 2026. Igor S. Nedashkovsky¹✉, Aleksandr F. Konte¹, Aleksandr A. Sermyagin², Dmitry N. Koltsov³, Valeria V. Volkova¹

¹Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Dubrovitsy, Moscow region, Russian Federation,

²Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Saint Petersburg, Pushkin, Russian Federation,

³Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russian Federation

The causes of cow mortality were studied depending on the level of homozygosity and genomic inbreeding of sires. Genomic data from 307 Holstein and Black-and-White bulls with 34,280 daughters were used. To calculate the homozygosity level (Ca), a multiplex panel of 12 microsatellite loci was used: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122,

INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225, BM1824 with direct calculation of individual homozygosity as the ratio of the number of homozygous loci to the total number of analyzed loci with complete data. For genomic inbreeding (F_{ROH}), the Illumina Bovine SNP50K v2 BeadChip with a density of 54,609 SNPs was used, F_{ROH} was calculated as the ratio of the sum of all ROH lengths in millions of nucleotide pairs (mb) in the sire genome to the total genome size in mb for 29 bovine autosomes overlapping the SNPs, expressed as a percentage. With increasing Ca, the mortality rate of cows due to limb diseases increases by 0.882 %. Other most significant causes in percentage terms include: difficult births and complications, an increase of 0.263 %, osteomalacia by 0.172 %, zoobrak by 1.818 %, other non-infectious diseases by 0.533 %, mastitis 0.384 %. With the increase of F_{ROH} , the percentage of animals leaving for the following reasons increases: limb diseases by 2.019 %, difficult labor and complications by 1.471 %, gynecological diseases by 0.964 %, respiratory diseases by 0.146 %, udder atrophy 0.696 %, bursitis 0.364 %, mastitis 0.774 %, ketosis by 0.044 %, zoobrak by 4.841 %, arthritis by 0.394 %, and other reasons. It can be stated that the frequency of leaving in groups of inbred animals increased by 0.011–4.840. A reliable difference was noted between the groups for all samples according to the Bartlett criterion and Cochran's g-test at a significance level of $\alpha = 0.05$. All calculated Pearson Chi-square values in all groups were less than critical, and the p-value was more than 0.05.

Keywords: Holstein breed, culling, patterns of homozygosity, Fx, Ca, F_{ROH}

Acknowledgements: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst (No.124020200029-4, FGGN-2024-0013).

Conflict of interest: the authors stated that there was no conflict of interest.

For citation: Nedashkovsky I. S., Konte A. F., Sermyagin A. A., Koltsov D. N., Volkova V. V. Reasons for the culling of cows depending on the level of homozygosity and genomic inbreeding of fathers. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East*. 2026;27(1):164–177. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.1.164-177>

Received:24.07.2025

Accepted for publication: 12.02.2026

Published online: 27.02.2026

По оценкам Организации Объединенных Наций (ООН), к 2050 году численность населения мира составит 9,7 млрд человек. Ввиду растущего роста населения производство продуктов питания в идеале должно утроиться, чтобы предотвратить массовый дефицит продовольствия. Молочное производство играет ключевую роль в решении и продвижении глобальной продовольственной и пищевой безопасности. Молоко служит основным источником белка, кальция и фосфора для многих семей в развивающихся странах с быстрорастущим населением. Следовательно, ожидается увеличение объемов производства молока примерно на 26 % в течение следующих 10 лет, что выведет отрасль на показатель 1077 млн тонн молока к 2050 году. Однако рост и развитие молочной промышленности ограничены многими факторами, среди которых выбраковка и падеж молочных коров [1].

В молочном скотоводстве выбраковка при традиционных технологиях содержания обычно составляет 15–20 %, из них 7–8 % коров бракуются по возрасту, 5–6 % – по яловости и случайным заболеваниям, 11–12 % – по продуктивности, а при интенсивных технологиях – 25–30 %. С интенсификацией отрасли и ростом продуктивности изменилось и процентное соотношение выбытия коров по различным причинам. При этом в 2...3 раза снизился процент выбраковки по уровню продуктивности – сказывается улучшение выращивания молодняка, резко вырос процент выбраковки из-за проблем с конечностями и увеличился – по гинекологическим патологиям и болезням вымени [2].

Высокий процент выбраковки коров по неизвестной причине указывает на наличие у производителей молока ограничений в ведении учета выбраковки внутри хозяйства и отчетности по этому показателю. Репродуктивные нарушения (16,8 %), мастит (10,6 %) и проблемы с конечностями (6,88 %) были основными причинами принудительной выбраковки коров в 2014–2019 гг. Аналогичным образом, бесплодие (20,4 %), проблемы со здоровьем вымени (14,7 %) и заболевания конечностей (12,2 %) были названы основными причинами выбытия коров в Германии в период с 2010 по 2013 г. Данная ситуация оставалась стабильной в течение продолжительного времени. В метаанализе, проведенном К. У. Р. Комптоном с соавт. (C. W. R. Compton et al.) по 51 опубликованной статье, касающейся 54 исследований в 22 странах в период с 1989 по 2014 г., отмечено, что показатели в канадской базе данных по выбраковке коров не менялись в течение почти двух десятилетий, начиная с середины 1980-х годов, где проблемы с выменем и воспроизводством занимали лидирующие позиции. При этом произошло снижение количества выбраковки по причине низкой молочной продуктивности. Аналогичная ситуация сохранилась в Канаде в период с 1997 по 2019 г., где процент вынужденной выбраковки из-за репродуктивных патологий, мастита и проблем с конечностями оставался стабильным, в то время как процент выбраковки из-за низких надоев молока снижался до 2008 года, после чего наблюдалась небольшая восходящая тенденция. Данное сокращение, вероятно, связано с отбором коров

по геному с высокой молочной продуктивностью, что снижает относительный риск выбраковки¹ [3, 4].

Основными причинами выбытия коров голштино-фризской породы в Польше являлись: репродуктивные расстройства – 40 %; болезни вымени – 13–15 %; заболевания костяка и конечностей – более 10 %. Кривые выживаемости коров отдельных категорий выбраковки по методу Каплана-Мейера имели схожую форму. Наибольшее влияние на выбытие животных оказали факторы: возраст первого отела, продолжительность лактации, интервал между отелами, субиндекс продуктивности, племенная ценность по долголетию, темперамент и среднесуточный удой [5].

По данным наших зарубежных партнеров, общий коэффициент выбраковки молочных коров в Эстонии составил 26,24 %, а в Нидерландах – 28,0 %. Наиболее распространенными причинами выбраковки были заболевания ног (26,4 %), далее заболевания вымени (22,6 %), нарушения обмена веществ и пищеварения (18,1 %) и проблемы с фертильностью (12,5 %). К факторам, предшествующим выбытию животных, относятся: голштинская порода в целом, поздние отелы, меньшая племенная ценность по молочной продуктивности, поздний возраст первого отела, более длительный интервал между отелами, необходимость родовспоможения, мертворождение и рождение двойни. Такие показатели, как низкий надой молока, количество соматических клеток более 200 000 в мл и соотношение жир/белок более 1,5 при первом пробном доении после отела являются предпосылкой для последующей выбраковки коров во время лактации. Коровы из крупных высокопродуктивных стад имеют большую предрасположенность к выбраковке [6, 7].

Анализ данных, охватывающий период с 1996 по 2020 г., по голштинской породе, разводимой в Канаде, показал выбраковку 3 096 872 коров из 9 683 стад. Репродуктивные проблемы были основной причиной выбытия, на которую приходилось 23,02 %, далее следовали проблемы, связанные с низкой молочной продуктивностью (20,82 %), здоровьем в целом (20,39 %), проблемы с экстерьером (13,69 %), экономические факторы (13,10 %), несчастные случаи (5,67 %), возрастные причины (1,67 %) и проблемы с молокоотдачей (1,63 %). Почти 58 % коров были забиты после 47-месячного

возраста. Наблюдаемая частота выбраковки по экономическим причинам была ниже, чем ожидалось с 1996 по 2014 г. и выше, чем в период с 2015 по 2020 г. Наибольшую частоту выбраковки имели проблемы с воспроизводством: в осенний период – 24,54 %; зимний – 24,02 %; весенний – 22,51 %, тогда как проблемы со здоровьем преобладали в летнем сезоне – 22,51 %. Небольшой срок продуктивного использования (25,50 %) и низкая молочная продуктивность (27,71 %) были наиболее частыми причинами выбраковки в провинциях Квебек и Онтарио. Репродуктивные патологии чаще всего встречались во всех климатических зонах на основе климатической классификации Кеппена, за исключением Csb (сухой летний субтропический или средиземноморский климат) и Bsk (степной климат средних широт), которые соответствуют небольшим регионам Канады, где низкая молочная продуктивность была наиболее частой причиной выбраковки (29,42 и 21,56 % соответственно). Нарушения репродуктивной системы и молочная продуктивность являлись основными причинами выбраковки в большинстве экзон, за исключением Бореального щита и Атлантического морского побережья, где проблемы со здоровьем имели самую высокую частоту (25,12 и 23,75 % соответственно) [8].

Из данных О. В. Горелика с соавт., взятых в одном из хозяйств Московской области, занимающимся разведением голштинизированного черно-пестрого скота видно, что основными причинами выбраковки коров являются: травмы и хирургические заболевания – 33,7 %; патология молочной железы – 21,7 %, патология репродуктивной системы и селекционные признаки, а также яловость – по 16,3 %. Детализация причин выбытия маточного поголовья показала, что наиболее частыми из них являются трудные роды и послеродовые осложнения, мастит, бурсит, яловость. Установлено, что больше всего от общего поголовья животных было выбраковано в линии Пабст Говернер 882933, что объясняется не долей брака, а небольшим количеством животных этой линии. Основной причиной выбраковки коров этой линии являлась патология опорно-двигательной системы, а именно травмы конечностей: разрыв и растяжение связок – 57,1 %. Анализ причин выбраковки коров других линий показал, что

¹Database. Culling and Replacement Rates in Dairy Herds in Canada. 2020. [Электронный ресурс].

URL: <https://www.dairyinfo.gc.ca/eng/dairy-statistics-and-market-information/dairy-animal-genetics/culling-and-replacement-rates-in-dairy-herds-in-canada/?id=1502475693224> (дата обращения: 25.06.2025).

среди линии Вис Бэк Айдиал 1013485 наблюдалось больше, чем в других, животных с патологией опорно-двигательной системы (37,5 %); линии Рефлекшн Соверинг 198998 – несчастных случаев и травм (34,6 %); в группе коров линии Монтвик Чифтейн 95679 отмечено значительное количество случаев патологии молочной железы (27,2 %) и яловость (21,2 %) от общего количества выбракованных животных [9].

Анализ данных сельскохозяйственных предприятий Свердловской области выявил, что основными причинами выбытия коров из основного стада являются заболевания вымени 14,7 %, снижение продуктивности – 15,3 % и гинекологические заболевания – 25,6 %. Высокий уровень выбраковки коров негативно сказывается на рентабельности молочного производства. Чтобы минимизировать потери, требуется выполнение противомаститных программ, вследствие чего увеличится продуктивное долголетие. Также необходима дальнейшая селекция черно-пестрой породы по пригодности к машинному доению, включая формы, размер сосков и вымени [10].

В Пышминском районе Свердловской области выбытие коров черно-пестрой породы из стада чаще всего происходит из-за болезней вымени – 24,1 %, заболеваний конечностей – 20,5 %, нарушений работы репродуктивной системы – 22 %, по причине травм и несчастных случаев бракуется 7,8 %. Наибольший удельный вес в структуре выбытия имеют заболевания половых органов, в основном у коров второй лактации – 27,6 %, у первотелок – 23,2 %; болезни вымени с возрастом имеют тенденцию к увеличению с первой до пятой лактации. Наибольшее количество коров по заболеваниям ног выбыло во время четвертой лактации – 27,5 %. В общем, причины заболеваемости и выбытия коров следующие: первая – заболевания, вызванные нарушениями кормления, условий содержания и доения – более 80 %; вторая – травматизм – 7,7 %; третья – последствия тяжело протекающих отелов – 5,5 %; четвертая – продажа населению – 2,6 % [11].

Анализ, проведенный на коровах айрширской породы с вариацией на 13 классов по причине выбытия со средним удоем за 1-ю лактацию 8601 кг молока, что меньше сверстниц на 124 кг, и качественными показателями 3,97 % жира и 3,32 % белка, установил, что в среднем по выборке коэффициент инбридинга равен 3,50 % с вариацией по группам от 2,16 до 4,59 %. Больше всего сверстницам

по удою за 1-ю лактацию уступали коровы со следующими причинами выбытия: низкая продуктивность и зообрак (-415 кг); болезни вымени (-222 кг) и конечностей (-144 кг); гинекологические заболевания и яловость (-134 кг). Взаимосвязь инбридинга с абсолютными показателями и племенной ценностью продуктивных признаков низкая, но отрицательная с удоем (-0,022 и -0,014 соответственно) и положительная с жирностью (+0,053 и +0,036) и содержанием белка в молоке (+0,048 и +0,027). С использованием однофакторного дисперсионного анализа выявлено достаточно высокое и достоверное совокупное влияние метода выведения и степени инбридинга на удои и причины выбытия анализируемых животных (35,1 и 24,8 % соответственно). Распределение выбывших по разным причинам коров в зависимости от метода выведения и степени инбридинга показало, что среди них больше коров кроссированных (59,7 %) по сравнению с коровами, полученными линейным разведением (40,3 %). Доля выбытия в первой группе больше по причине гинекологических заболеваний и яловости (19,1 против 18,5 %), болезней конечностей (14,8 против 12,9 %), болезней обмена веществ (15,6 против 12,2 %). При рассмотрении степени инбридинга вне зависимости от метода выведения выявлено, что большую часть выборки составляют коровы с умеренной степенью инбридинга (63,2 %) против 28,3 % с близким родством, в группе умеренно инбридированных коров по основным причинам выбытия доля животных больше на 1,4–6,6 % [12].

Стоит отметить, что научных работ по оценке влияния уровня инбридинга на причины выбытия коров почти нет, особенно с геномным инбридингом, что задает нашему исследованию новизну и актуальность по причине постоянного увеличения среднего уровня инбридинга быков-производителей в популяции на протяжении последних десятилетий.

Увеличение продолжительности жизни коров позволит снизить затраты на сохранность поголовья и повысить маржинальность (рентабельность) комплекса, одновременно улучшая как благополучие животных, так и качество жизни, способствуя более устойчивому развитию молочной промышленности [13].

Цель исследования – изучить влияние уровня гомозиготности и геномного инбридинга на показатели выбытия черно-пестрого и голштинского скота в популяции Московской области.

Научная новизна – применение полногеномных данных по SNP-чипам для оценки влияния инбридинга на показатели выбраковки, а также выявление специфических закономерностей влияния уровня гомозиготности на различные причины выбытия и установление количественных показателей увеличения выбраковки при различных уровнях инбридинга. Определение пороговых значений уровня гомозиготности, оказывающих негативное влияние на показатели выбраковки. Выявление наиболее чувствительных к инбридингу причин выбытия животных.

Материал и методы. Рассмотрены причины выбытия 34280 коров – дочерей 307 быков-производителей, участвующих в селекционном процессе в Московской области, прошедших процедуру генотипирования по STR (*Short Tandem Repeats*, микросателлиты) и SNP-маркерам (*Single Nucleotide Polymorphism*, однонуклеотидные полиморфизмы). Коэффициент инбридинга (F_x) рассчитывали по формуле Райта-Кисловского с умножением на 100 %. Далее, коэффициент инбридинга быков присваивали их дочерям. Весь массив данных ранжировали на 2 группы: в первую для классического расчета, по данным племенного учета, вошли аутбредные быки и животные с коэффициентом инбридинга до 3,13 % включительно ($F_x = 0-3,13$ %), во вторую – быки с $F_x = 3,22-12,5$ %.

Для расчета по STR-маркерам использовали уровень гомозиготности (C_a) быков-производителей черно-пестрого и голштинского скота Московской области. Выделение геномной ДНК проводили из спермы быков с помощью колонок Nexttec (Nexttec Biotechnology GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. В качестве ДНК-маркеров использовали мультиплексную панель из 12 микросателлитных локусов: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH3, ETH225, BM1824. Продукты амплификации для их последующей детекции подвергали анализу на капиллярном генетическом анализаторе ABI 3130xl Genetic Analyzer («Applied Biosystems», «Life technologies», США). Информацию о длине аллелей по исходным данным получили с помощью программы Gene Mapper v.4 («Applied Biosystems», «Life technologies», США). Статистическую обработку результатов проводили в программе GenAlEx 6.5.1. [14]. Непосредственный расчет индивидуальной гомозиготности проводили как отношение

количества гомозиготных локусов к общему количеству анализируемых локусов, причем использовали локусы с полными данными. Локусы, в которых значились нулевые аллели 0/0, не принимали в расчет при отношении к количеству гомозиготных вариантов. Показатель уровня гомозиготности быков присваивался дочерям. Весь массив данных ранжировали на группы – в первую группу вошли особи с $C_a = 0-30$ %, во вторую – особи с $C_a = 33-77$ %.

Для расчета по SNP-маркерам образцы ДНК были получены от быков-производителей изучаемой выборки скота Подмосковья. Для исследований на основе геномной информации животных генотипировали с помощью биочипа Illumina Bovine SNP50K v2 BeadChip плотностью 54609 SNP. Анализ паттернов гомозиготности (ROH) проводили с использованием пакета Plink 1.9 [15]. Размер паттернов гомозиготности у быков-производителей для изучения генетической архитектуры популяций находили с применением пакета cgaTOH [16]. ROH определяли при условии, если 15 или более последовательных гомозиготных SNP присутствовали на исследуемом участке генома при плотности не менее 1 SNP на каждые 100 kb с промежутками между ними не более 1000 kb. Уровень геномного инбридинга рассчитывали как отношение суммы всех длин ROH в миллионах пар-нуклеотидов (м.п.н.) в геноме быка-производителя к общему размеру генома в м.п.н. для 29 аутосом крупного рогатого скота, перекрываемых SNP, выраженному в процентах. При использовании 50K панели средней плотности происходит переоценка коротких (1–4 м.п.н.) ROH, тогда как 600K (Bovine HD) панель высокой плотности недооценивает ROH более 8 м.п.н. [17]. Следовательно, для корректной оценки ROH на 50K панели необходимо учитывать ROH более 4 м.п.н. [18]. В связи с этим, весь массив дочерей, после присвоения геномного коэффициента инбридинга (*inbreeding coefficient determined using ROH*, F_{ROH}) отца, был разделен на две группы по величине этого показателя: в первую входили животные с $F_{ROH} = 0,55-1,01$ %, во вторую – $F_{ROH} = 1,11-17,71$ %.

Результаты и их обсуждение. Для понимания основных зависимостей был произведен расчет причин выбытия коров совместно с коэффициентом инбридинга, рассчитанным по данным родословного учета посредством формулы Райта-Кисловского, процентное выражение которой используется в базах племенного учета ИАС СЕЛЭКС [19]. Исходя из

названия статьи и общего смысла публикации, классический расчет дается для наглядности и не является основным. В данном исследовании упор ставится на современные методы анализа посредством информации по геному, где исключены все возможные неточности ведения баз данных племенного учета. Поскольку в расчетах использованы данные племенных быков-производителей, родословная каждого из них не вызывает сомнения, тем не менее все животные были проверены вручную на влияние человеческого фактора, а именно допущения ошибок и неточностей. Верификация записей о происхождении по отцовской и материнской линиям, а именно число предков от общего родоначальника по отцовской и материнской линиям заложено в формулу. Коэффициент инбридинга определяли, используя данные по четырем рядам предков. В первую группу вошли аутбредные животные и быки с коэффициентом инбридинга до 3,13 %. Количество животных с нулевым коэффициентом инбридинга составило 8974 головы, что эквивалентно 31,337 % от исследуемой группы. Градация в группах (табл. 1) обусловлена максимально рекомендованным процентом инбридинга при линейном разведении или 1/8 шага по общепринятой классификации путевых коэффициентов Райта, а также его незначительным уровнем для оказания негативного влияния при высоких степенях, приводящих к инбредной депрессии. Возможность формирования группы с коэффициентом инбридинга от 3,22 до 6,69 % отвергается в связи с малым количеством животных, и остается при таком объединении группа с $F_x = 7,03-12,0$ % и критическими показателями нормальности распределения получаемых данных, обусловленных критериями Колмогорова-Смирнова и Шапиро-Уилка. В связи с этим, объединение групп в одну – вторую с численностью 5643 голов и $F_x = 3,22-12,5$ %, которая и так в 5 раз меньше по количеству животных, чем первая, является обоснованным.

Основными причинами выбытия, отмеченными во всех градациях, были болезни конечностей, трудные роды, осложнения и зобрак. Причины выбытия коров даны в точности как в системе ИАС СЕЛЭКС, что исключает вопрос по классификации данных и объединения их в какие-либо группы, за исключением прочих причин куда вошли: племпродажа, продажа населению, отравление кормами, несчастные случаи, отравление пестицидами и удобрениями, спецзабой, причина не выяс-

нена, прочие. Акцент на отдельных причинах выбытия, а не их системная группировка дает возможность наиболее точно оценить влияние инбридинга, что и является целью нашего исследования (табл. 1).

Анализ результатов показал, что с увеличением коэффициента инбридинга во второй группе по сравнению с первой увеличивался процент выбытия животных по таким показателям, как болезни конечностей – на 0,489 %, трудные роды и осложнения – на 0,861 %, зобрак – на 2,735 %, болезни пищеварительной системы – на 0,522 %, перикардит – на 0,308 %, прочие неинфекционные болезни – на 0,19 %, мастит на – 0,145 %, бурсит – на 0,144 % и другие причины, которые имели незначительное процентное увеличение (табл. 1).

В наших исследованиях рассматривался вопрос установления влияния на причины выбытия следующих факторов – коэффициента инбридинга, уровня гомозиготности и геномного инбридинга, т. е. подразумевающее сравнение нескольких дисперсий в зависимости от разного уровня гомозиготности. Попарно сравнивать дисперсии (различия) мы посчитали некорректным. В дисперсионном анализе для сравнения нескольких дисперсий существует ряд специальных критериев, наиболее понятных из которых g -критерий Кохрена, предполагающий независимость распределения данных, прошедших тесты на нормальность (Колмогорова-Смирнова; Шапиро-Уилка). Критерий Бартлетта в данном случае являлся косвенно проверяющим. Отмечено достоверное различие между исследуемыми группами по средствам непараметрической статистики по g -критерию Кохрена с помощью G -теста и критерия Бартлетта на уровне значимости $\alpha = 0,05$. По этим критериям разница между выборками считается достоверной, если $G > G_{кр}$ (G критическое значение) и $T > T_{кр}$ (T критическое значение). В наших расчетах это условие соблюдается: по Кохрену $G = 0,91$, $G_{кр} = 0,31$; по Бартлетту $T = 187,05$, $T_{кр} = 40,11$.

Нами был проведен расчет Хи-квадрата Пирсона посредством математического группирования данных. Согласно результатам, наблюдаемая и ожидаемая частоты согласованны, нулевая гипотеза не была отклонена, а, следовательно, соответствует полученным данным. Расчетное значение $\chi^2 = 16,328$ при χ^2 (критическом) = 31,143 и p -value = 0,635, что больше $p = 0,05$.

Таблица 1 – Выбытие коров в зависимости от коэффициента инбридинга отцов, рассчитанного по данным родословного учета (коэффициент Райта-Кисловского), % /

Table 1 – Cow culling depending on the inbreeding coefficient of fathers, calculated based on pedigree data (Wright-Kislovsky coefficient), %

Причина выбытия / Culling reason (n = 34280)	Коэффициент инбридинга (F _x) / Inbreeding coefficient (F _x)	
	0–3,13 (n = 28637, или 83,54 %)	3,22–12,5 (n = 5643, или 16,46 %)
Грыжа / Hernia	0,007	0,018
Эмфизема / Emphysema	0,021	0,035
Туберкулез / Tuberculosis	0,010	0,035
Пиометра / Pyometra	0,014	0,035
Плеврит / Pleurisy	0,045	0,053
Аборт / Abortion	0,105	0,106
Ацидоз рубца / Scar acidosis	0,080	0,124
Скручивание матки / Uterine torsion	0,108	0,124
Выпадение влагалища / Vaginal prolapse	0,080	0,160
Сальпингит / Salpingitis	0,154	0,160
Недостатки экстерьера / Exterior defects	0,080	0,177
Болезни сердечно-сосудистой системы / Cardiovascular diseases	0,112	0,177
Эндометриит / Endometritis	0,182	0,248
Хирургические болезни / Surgical diseases	0,136	0,248
Бронхопневмония / Bronchopneumonia	0,314	0,479
Артрит / Arthritis	0,541	0,674
Травмы конечностей / Extremity injuries	0,363	0,692
Кетоз / Ketosis	0,716	0,887
Абсцесс / Abscess	0,870	1,170
Бурсит / Bursitis	1,736	1,880
Мастит / Mastitis	1,788	1,933
Прочие неинфекционные болезни / Other non-infectious diseases	2,169	2,359
Перикардит / Pericarditis	3,576	3,884
Яловость / Infertility	4,124	4,185
Болезни пищеварительной системы / Digestive system diseases	6,394	6,916
Зообрак / Zoobrak	4,837	7,572
Трудные роды и осложнения / Difficult labor and complications	7,261	8,122
Болезни конечностей / Extremity diseases	13,467	13,956
Прочее / Other	50,709	43,589

Для формирования групп в расчете зависимости выбытия коров от уровня гомозиготности отцов руководствовались принципом, аналогичным классическому варианту при использовании коэффициента инбридинга, а именно: в первую группу вошли дочери полностью гетерозиготных быков-производителей и животные с уровнем гомозиготности до 30 %, во вторую – коровы с Ca = 33–77 %. Коли-

чество полностью гетерозиготных животных с Ca = 0 % составило 2876 голов, или 12,75 % от исследуемой группы (табл. 2).

Результаты анализа данных таблицы 2 показывают схожие зависимости с результатами классического расчёта на основе родословных (коэффициент Райта-Кисловского). Так, выбытие коров по причине болезней конечностей имеет самый большой процент

по сравнению с другими причинами и увеличивается на 0,882 % во второй группе по сравнению с первой группой искомой градации. К остальным наиболее значимым в процентном выражении причинам можно отнести: трудные роды и осложнения – увеличение на 0,263 %, остеомалация – на 0,172 %, зообрак – на 1,818 %, прочие неинфекционные болезни – на 0,533 %, мастит – на 0,384 % и другие причины, имеющие незначительное увеличение в процентном выражении. Отмечено достоверное различие между первой и второй группами по Кохрену $G = 0,68$ с её критическим значением $G_{кр} = 0,32$, и по Бартлетту $T = 145,09$ при $T_{кр} = 37,65$ при уровне значимости $\alpha = 0,05$.

мастит – на 0,384 % и другие причины, имеющие незначительное увеличение в процентном выражении. Отмечено достоверное различие между первой и второй группами по Кохрену $G = 0,68$ с её критическим значением $G_{кр} = 0,32$, и по Бартлетту $T = 145,09$ при $T_{кр} = 37,65$ при уровне значимости $\alpha = 0,05$.

Таблица 2 – Выбытие коров в зависимости от уровня гомозиготности отцов, рассчитанного по STR-маркерам, % / Table 2 – Cow culling depending on the level of homozygosity of fathers calculated by STR markers, %

Причина выбытия / Culling reason (n = 34280)	Уровень гомозиготности (Ca) / Homozygosity level (Ca)	
	0–30 (n = 22556, или 65,80 %)	33–77 (n = 11724, или 34,20 %)
Туберкулез / Tuberculosis	0,009	0,026
Плеврит / Pleurisy	0,035	0,068
Клостридиоз / Clostridiosis	0,040	0,060
Старость / Old age	0,053	0,060
Выпадение влагалища / Vaginal prolapse	0,089	0,102
Смещение сычуга / Abomasal displacement	0,093	0,136
Скручивание матки / Uterine torsion	0,106	0,119
Хирургические болезни / Surgical diseases	0,129	0,205
Сальпингит / Salpingitis	0,137	0,188
Послеродовой парез / Postpartum paresis	0,195	0,256
Перитонит / Peritonitis	0,226	0,316
Бронхопневмония / Bronchopneumonia	0,270	0,478
Флегмона / Phlegmon	0,341	0,435
Тимпания рубца / Tympania of the rumen	0,386	0,554
Травмы конечностей / Extremity injuries	0,395	0,461
Артрит / Arthritis	0,554	0,580
Кетоз / Ketosis	0,705	0,819
Лейкоз / Leukosis	1,428	1,800
Мастит / Mastitis	1,680	2,064
Прочие неинфекционные болезни / Other non-infectious diseases	2,017	2,550
Малопродуктивность / Low productivity	3,019	3,062
Яловость / Infertility	4,110	4,179
Зообрак / Zoobrak	4,664	6,482
Остеомалация / Osteomalacia	6,455	6,627
Трудные роды и осложнения / Difficult labor and complications	7,311	7,574
Болезни конечностей / Extremity diseases	13,243	14,125
Прочее / Other	52,31	46,673

Произведенный расчет Хи-квадрата Пирсона показал, что наблюдаемая и ожидаемая частоты согласованы, нулевая гипотеза не была отклонена, а, следовательно, не противоречит наблюдаемым данным. Расчетное значение $\chi^2 = 37,452$ при χ^2 (критическом) = 37,652 и $p\text{-value} = 0,052$, что больше $p = 0,05$.

В связи с тем, что геномный коэффициент инбридинга более точен по сравнению с информацией, полученной по родословным данным и данным микросателлитных профилей, о чем говорит отсутствие в выборке животных с нулевым коэффициентом геномного инбридинга несмотря на то, что при расчетах, показанных

ранее, имелись особи с $F_x = 0\%$ и $C_a = 0\%$, а выборка при этом не менялась. Группирование на аутбредных животных и животных с незначительным коэффициентом геномного инбридинга (до 1 %) против всех остальных логично и обоснованно по причине точного понимания наличия влияния F_{ROH} на причины выбраковки, т. е. либо особи имеют процент инбредности, который оказывает влияние на причины выбытия, либо нет. Наличие животных с F_{ROH} до 1 % или 1,01 % по факту в первой группе обусловлено критическим пониманием незначительности возможного влияния уровня геномного инбридинга на исследуемые показатели. Следовательно, мы опять делим животных на две группы, а именно на аутбредных животных и животных с незначительным коэффициентом геномного инбридинга (до 1 %) против всех

остальных. Количество животных с $F_{ROH} = 0,55\%$ составило 85 голов, или 14,886 % от исследуемой группы. Фактические группы, исходя из реальных коэффициентов геномного инбридинга у исследуемых животных, будут иметь следующий вид: в первую группу войдут быки-производители с $F_{ROH} = 0,55...1,01\%$, во вторую – с $F_{ROH} = 1,11...17,71\%$. Подобная градация обусловлена отличием между группами с незначительным коэффициентом геномного инбридинга (до 1 %), и остальными инбредными животными (табл. 3). Анализ литературных данных показал, что градация на аутбредных и инбредных животных в целом свойственна отечественным ученым и используется для понимания влияния инбридинга на рассматриваемые признаки, такие как молочная продуктивность, воспроизводство или экстерьер [20, 21].

**Таблица 3 – Выбытие коров в зависимости от коэффициента геномного инбридинга отцов, рассчитанного по SNP-маркерам, % /
Table 3 – Cow culling depending on the genomic inbreeding coefficient of fathers, calculated using SNP markers, %**

Причина выбытия / Culling reason (n = 34280)	Коэффициент геномного инбридинга (F_{ROH}) / Genomic inbreeding coefficient (F_{ROH})	
	0,55–1,01 (n = 571, или 1,66 %)	1,11–17,71 (n = 33709, или 98,34 %)
Артрит / Arthritis	0,175	0,570
Травмы вымени / Udder injuries	0,175	0,320
Абсцесс / Abscess	0,350	0,929
Зообрак / Zoobrax	0,525	5,367
Кетоз / Ketosis	0,701	0,745
Мастит / Mastitis	1,051	1,824
Бурсит / Bursitis	1,401	1,765
Атрофия вымени / Udder atrophy	1,576	2,272
Болезни дыхательной системы / Respiratory system diseases	3,503	3,649
Яловость / Infertility	3,853	4,138
Гинекологические болезни / Gynecological diseases	5,604	6,568
Трудные роды и осложнения / Difficult labor and complications	5,954	7,425
Болезни конечностей / Limb diseases	11,559	13,578
Прочее / Other	63,573	50,85

Анализ данных, приведенных в таблице 3, показал, что с возрастанием коэффициента геномного инбридинга увеличивается процент выбытия животных по причинам, схожим с результатами двух, приведенных выше расчетов. Таким образом, можно отметить, что во второй группе по сравнению с первой увеличивается выбытие по таким причинам, как

болезни конечностей – на 2,019 %, трудные роды и осложнения – на 1,471 %, гинекологические болезни – на 0,964 %, болезни дыхательной системы – на 0,146 %, атрофия вымени – на 0,696 %, бурсит – на 0,364 %, мастит – на 0,774 %, кетоз – на 0,044 %, зообрак – на 4,841 %, артрит – на 0,394 % и другие причины с низким процентным изменением.

Между исследуемыми группами отмечено достоверное различие по Кохрену $G = 0,51$ при $G_{кр} = 0,49$ и по Бартлетту $T = 39,25$ при $T_{кр} = 22,36$ при уровне значимости $\alpha = 0,05$.

Для более лучшей визуализации построен график причин выбытия животных в зависимости от коэффициента инбридинга по Райту-Кисловскому и геномного инбридинга, рассчитанного по ROH паттернам (рис.).

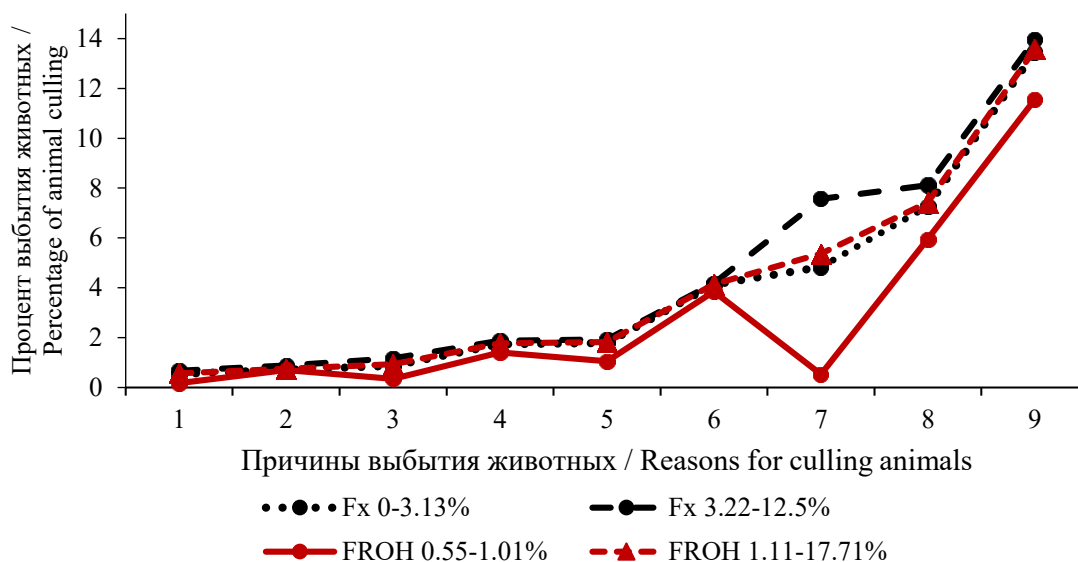


Рис. Выбывание животных в зависимости от коэффициента инбридинга Райта-Кисловского (F_x) и геномного инбридинга (inbreeding coefficient determined using ROH, F_{ROH}): 1 – Артрит; 2 – Кетоз; 3 – Абсцесс; 4 – Бурсит; 5 – Мастит; 6 – Яловость; 7 – Зообрак; 8 – Трудные роды и осложнения; 9 – Болезни конечностей /

Fig. Reasons for animal culling depending on Wright-Kislovsky inbreeding coefficient (F_x) and genomic inbreeding (inbreeding coefficient determined using ROH, F_{ROH}): 1 – Arthritis; 2 – Ketosis; 3 – Abscess; 4 – Bursitis; 5 – Mastitis; 6 – Infertility; 7 – Zoobrak; 8 – Difficult labor and complications; 9 – Extremity diseases

Посредством математического группирования данных произведен расчет Хи-квадрата Пирсона. Согласно результатам, наблюдаемая и ожидаемая частоты согласованы, нулевая гипотеза не была отклонена, а, следовательно, не противоречит наблюдаемым данным. Расчетное значение $\chi^2 = 8,997$ при χ^2 (критическом) = 21,026 и $p\text{-value} = 0,703$, что больше $p = 0,05$. Результат не противоречит гипотезе о равенстве частот и вовсе ее не доказывает, поскольку

нулевую гипотезу невозможно доказать, а только отклонить.

В таблице 4 проведен сравнительный анализ распределений коэффициентов инбридинга, рассчитанных по геномным данным и данным родословного учета, который демонстрирует логичное возрастание средних показателей F_x , F_{ROH} и Ca по мере увеличения исследуемых коэффициентов по анализируемым группам, что подтверждает изученные нами ранее зависимости.

Таблица 4 – Сравнительный анализ распределений коэффициента инбридинга по Райту-Кисловскому (F_x), уровня гомозиготности по STR-маркерам (Ca) и геномного инбридинга по SNP-маркерам (inbreeding coefficient determined using ROH, F_{ROH}), % /

Table 4 – Comparative analysis of distributions of the Wright-Kislovsky inbreeding coefficient (F_x), the level of homozygosity for STR markers (Ca), and genomic inbreeding for SNP markers (inbreeding coefficient determined using ROH, F_{ROH}), %

Группа / Group	F_x	Ca	F_{ROH}
$F_x = 0-3,13\%$ (n = 258)	0,81	26,89	6,83
$F_x = 3,22-5,86\%$ (n = 39)	3,87	27,92	9,68
$F_x = 6,69-12,5\%$ (n = 10)	7,77	41,38	12,35
$F_{ROH} = 0,55-5\%$ (n = 78)	0,62	23,66	3,46
$F_{ROH} = 5,05-9,99\%$ (n = 165)	1,25	28,08	7,33
$F_{ROH} = 10,01-17,71\%$ (n = 64)	2,85	30,64	12,26

Резюмируя вышесказанное, стоит отметить, что расчеты, проведенные различными методами: по родословным данным, с помощью микросателлитных профилей и SNP-чипов по средствам однонуклеотидных полиморфизмов, паттернов гомозиготности продемонстрировали закономерность увеличения процента выбытия животных в зависимости от уровня гомозиготности и геномного инбридинга. Использование полногеномных данных по SNP-чипам для этих целей показало свою актуальность наряду с STR-профилями, используемыми в основном для определения чистопородности [22, 23]. Подобные закономерности отмечались нами ранее в случае рассмотрения вопроса по признакам экстерьера, молочной продуктивности первотелок, собственной продуктивности быков-производителей [24, 25, 26].

Заключение. Исходя из вышеизложенного, следует, что геномный инбридинг и уровень гомозиготности оказали отрицательное влияние на частоту выбытия животных. Так, основными причинами выбраковки животных являлись: болезни конечностей, трудные роды и осложнения, гинекологические болезни, болезни обмена веществ, зообрак. Можно констатировать, что частота выбытия в группах инбредных животных увеличивалась на 0,011–4,840 % по сравнению с аутбредными и имеющими незначительный или допустимый коэффициент инбридинга при линейном разведении. При дальнейшей селекционной работе рекомендуем вести контроль уровня гомозиготности, опираясь на точный расчет с помощью ДНК-чипов высокой плотности для сохранения продуктивной жизнеспособности животных.

Список литературы

1. Diniso S. Y., Ishmael F. J. Culling and mortality of dairy cows: why it happens and how it can be mitigated. *F1000Research*. 2021;10:1014. DOI: <https://doi.org/10.12688/f1000research.55519.2>
2. Тихомиров И. А., Скоркин В. К., Аксенова В. П., Андрияшина О. Л. Продуктивное долголетие коров и анализ причин их выбытия. *Вестник Всероссийского научно-исследовательского института механизации животноводства*. 2016;(1(21)):64–72.
3. Heise J., Liu Z., Stock K. F., Rensing S., Reinhardt F., Simianer H. The genetic structure of longevity in dairy cows. *Journal of Dairy Science*. 2016;99(2):1253–1265. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10163>
4. Compton C. W. R., Heuer C., Thomsen P. T., Carpenter T. E., Phyn C. V. C., McDougall S. A systematic literature review and meta-analysis of mortality and culling in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(1):1–16. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11302>
5. Grzesiak W., Adamczyk K., Zaborski D., Wójcik J. Estimation of Dairy Cow Survival in the First Three Lactations for Different Culling Reasons Using the Kaplan–Meier Method. *Animals*. 2022;12:1942. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani12151942>
6. Rilanto T., Reimus K., Orro T., Emanuelson U., Viltrop A., Mõtus K. Culling reasons and risk factors in Estonian dairy cows. *BMC Veterinary Research*. 2020;16:173 DOI: <https://doi.org/10.1186/s12917-020-02384-6>
7. Kulkarni P. S., Mourits M. C. M., Nielen M., Steeneveld W. Associations between dairy farm performance indicators and culling rates under policy-driven herd size constraints. *Frontiers in Veterinary Science*. 2023;10:1062891. DOI: <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1062891>
8. De Souza T. C., Pinto L. F. B., da Cruz V. A. R., de Oliveira H. R., Pedrosa V. B., Oliveira Jr G. A. et al. (2023). A comprehensive characterization of longevity and culling reasons in Canadian Holstein cattle based on various systematic factors. *Translational Animal Science*. 2023;7(1):txad102. DOI: <https://doi.org/10.1093/tas/txad102>
9. Горелик О. В., Лавров А. А., Лаврова Ю. Е., Белококов А. А. Причины выбытия коров в зависимости от происхождения. *Аграрный вестник Урала*. 2021;(1(204)):36–45. DOI: <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2021-204-01-36-45> EDN: XVVSTF
10. Томских А. С., Барашкин М. И., Елесин А. В., Шурманова Е. И., Мильштейн И. М. Анализ основных причин выбытия коров в сельскохозяйственных организациях Свердловской области. *Аграрный вестник Урала*. 2016;(5(147)):37–42. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=26168293> EDN: WAQQYB
11. Скворцова Е. Г., Неверова О. П., Чепуштанова О. В. Продуктивное долголетие коров черно-пестрой породы и причины их выбытия. *Аграрный вестник Урала*. 2019;(5(184)):54–61. DOI https://doi.org/10.32417/article_5d5157e4cce0c6.66672474 EDN: IGLVIU
12. Анистенюк С. В., Тулинова О. В. Влияние инбридинга на удой и причины выбытия коров айрширской породы. *Ветеринария, зоотехния и биотехнология*. 2023;(11):127–136. DOI <https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202311017> EDN: PWWYSV
13. Dallago G. M., Wade K. M., Cue R. I., McClure J. T., Lacroix R., Pellerin D., Vasseur E. Keeping dairy cows for longer: a critical literature review on dairy cow longevity in high milk-producing countries. *Proceedings*. 2021;73(1):7. DOI: <https://doi.org/10.3390/IECA2020-08827>

14. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537–2539. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
15. Chang C. C., Chow C. C., Tellier L., Vattikuti S., Purcell S. M., Lee J. J. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience*. 2015;4:7. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
16. Zhang L., Orloff M. S., Reber S., Li Sh., Zhao Y., Eng Ch. cgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity. *PLoS ONE*. 2013;8(3): e57772. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057772>
17. Purfield C., Berry D., McParland S., Bradley D. G. Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics*. 2012;13:70. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-70>
18. Смарагдов М. Г., Кудинов А. А. Полногеномная оценка инбридинга у молочного скота. *Достижения науки и техники АПК*. 2019;33(6):51–53. DOI: <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2019-10612> EDN: UQDHGE
19. Ерохин А. И., Солдатов А. П., Филатов А. И. Инбридинг и селекция животных. М.: Агропромиздат, 1985. С. 22–23.
20. Сидорова В. Ю., Попов Н. А. Особенности признаков телосложения, связанных с воспроизводством у дочерей инбредных и аутбредных быков. *Молочное и мясное скотоводство*. 2017;(2):15–17. Режим доступа: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=29240732> EDN: YPWTFJ
21. Попов Н. А., Сидорова В. Ю. Совершенствование селекционных признаков скота при использовании инбредных и гомозиготных быков-производителей. *Главный зоотехник*. 2022;(9(230)):3–16. DOI: <https://doi.org/10.33920/sel-03-2209-01> EDN: УТҮНҮҮ
22. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Сермягин А. А. Влияние уровня геномного инбридинга голштинских быков-производителей на изменчивость показателей экстерьера и тип телосложения их дочерей. *Достижения науки и техники АПК*. 2023;37(6):66–74. DOI: https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_6_66 EDN: CLVLZC
23. Недашковский И. С., Сермягин А. А., Костюнина О. В. Влияние уровня геномного инбридинга, оцененного по ROH-паттернам, на воспроизводительные качества и молочную продуктивность дочерей, а также спермопродукцию голштинских быков-производителей. *Достижения науки и техники АПК*. 2021;35(3):39–45. DOI: <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2021-10307> EDN: SGLPMR
24. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Нарышкина Е. Н., Сермягин А. А. Влияние уровня инбридинга коров голштинской породы на оценку их типа телосложения. *Молочное и мясное скотоводство*. 2023;(2):3–6. DOI: <https://doi.org/10.33943/MMS.2023.36.93.002> EDN: RFOXTA
25. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Волкова В. В., Сермягин А. А. Влияние уровня гомозиготности по STR-маркерам быков-производителей голштинской породы на показатели наследования типа телосложения их дочерей на основе линейной оценки. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование*. 2022;4(68):294–302. DOI: <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-04-35> EDN: НМККТГ
26. Контэ А. Ф., Недашковский И. С., Ермилов А. Н., Сермягин А. А. Влияние уровня инбридинга быков-производителей на показатели типа телосложения их дочерей. *Молочное и мясное скотоводство*. 2022;(4):19–25. DOI: <https://doi.org/10.33943/MMS.2022.26.83.003> EDN: NPAFUM

References

1. Diniso S. Y., Ishmael F. J. Culling and mortality of dairy cows: why it happens and how it can be mitigated. *F1000Research*. 2021;10:1014. DOI: <https://doi.org/10.12688/f1000research.55519.2>
2. Tikhomirov I. A., Skorkin V. K., Aksenova V. P., Andryukhina O. L. Cows productive life longevity and their reasons for culling's analysis. *Vestnik Vserossiyskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta mekhanizatsii zhivotnovodstva*. 2016;(1(21)):64–72. (In Russ.).
3. Heise J., Liu Z., Stock K. F., Rensing S., Reinhardt F., Simianer H. The genetic structure of longevity in dairy cows. *Journal of Dairy Science*. 2016;99(2):1253–1265. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10163>
4. Compton C. W. R., Heuer C., Thomsen P. T., Carpenter T. E., Phyn C. V. C., McDougall S. A systematic literature review and meta-analysis of mortality and culling in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(1):1–16. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11302>
5. Grzesiak W., Adamczyk K., Zaborski D., Wójcik J. Estimation of Dairy Cow Survival in the First Three Lactations for Different Culling Reasons Using the Kaplan–Meier Method. *Animals*. 2022;12:1942. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani12151942>
6. Rilanto T., Reimus K., Orro T., Emanuelson U., Viltrop A., Mõtus K. Culling reasons and risk factors in Estonian dairy cows. *BMC Veterinary Research*. 2020;16:173 DOI: <https://doi.org/10.1186/s12917-020-02384-6>
7. Kulkarni P. S., Mourits M. C. M., Nielen M., Steeneveld W. Associations between dairy farm performance indicators and culling rates under policy-driven herd size constraints. *Frontiers in Veterinary Science*. 2023;10:1062891. DOI: <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1062891>
8. De Souza T. C., Pinto L. F. B., da Cruz V. A. R., de Oliveira H. R., Pedrosa V. B., Oliveira Jr G. A. et al. (2023). A comprehensive characterization of longevity and culling reasons in Canadian Holstein cattle based on various systematic factors. *Translational Animal Science*. 2023;7(1):txad102. DOI: <https://doi.org/10.1093/tas/txad102>

9. Gorelik O. V., Lavrov A. A., Lavrova Yu. E., Belookov A. A. Reasons for the disposal of cows, depending on the origin. *Agrarny vestnik Urala* = Agrarian Bulletin of the Urals. 2021;(1(204)):36–45. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2021-204-01-36-45>
10. Tomskikh A. S., Barashkin M. I., Elesin A. V., Shurmanova E. I., Milshteyn I. M. Analysis of causes of disposal cattle in farms of the Sverdlovsk region. *Agrarny vestnik Urala* = Agrarian Bulletin of the Urals. 2016;(5(147)):37–42. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=26168293>
11. Skvortsova E. G., Neverova O. P., Chepushtanova O. V. Productive longevity of cows of black-and-pestrous breeds and causes of their extraction. *Agrarny vestnik Urala* = Agrarian Bulletin of the Urals. 2019;(5(184)):54–61. (In Russ.). DOI https://doi.org/10.32417/article_5d5157e4cce0c6.66672474
12. Anistenok S. V., Tulinova O. V. Influence of inbreeding on milk yield and reasons for culling of ayrshire cows. *Veterinariya, zootekhnika i biotekhnologiya* = Veterinary Medicine, Zootechnics and Biotechnology. 2023;(11):127–136. (In Russ.). DOI <https://doi.org/10.36871/vet.zoo.bio.202311017>
13. Dallago G. M., Wade K. M., Cue R. I., McClure J. T., Lacroix R., Pellerin D., Vasseur E. Keeping dairy cows for longer: a critical literature review on dairy cow longevity in high milk-producing countries. *Proceedings*. 2021;73(1):7. DOI: <https://doi.org/10.3390/IECA2020-08827>
14. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics*. 2012;28(19):2537–2539. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
15. Chang C. C., Chow C. C., Tellier L., Vattikuti S., Purcell S. M., Lee J. J. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience*. 2015;4:7. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
16. Zhang L., Orloff M. S., Reber S., Li Sh., Zhao Y., Eng Ch. cgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity. *PLoS ONE*. 2013;8(3): e57772. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057772>
17. Purfield C., Berry D., McParland S., Bradley D. G. Runs of homozygosity and population history in cattle. *BMC Genetics*. 2012;13:70. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2156-13-70>
18. Smaragdov M. G., Kudinov A. A. Full genome inbreeding assessment of dairy cattle. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK* = Achievements of Science and Technology of AICis. 2019;33(6):51–53. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2019-10612>
19. Erokhin A. I., Soldatov A. P., Filatov A. I. Inbreeding and animal breeding. Moscow: *Agropromizdat*, 1985. pp. 22–23.
20. Sidorova V. Yu., Popov N. A. The particularities of inbred and outbred bulls daughters' body traits associated with the reproduction. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo* = Journal of Dairy and Beef Cattle Farming. 2017;(2):15–17. (In Russ.). URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=29240732>
21. Popov N. A., Sidorova V. Yu. About some problems in the breedforming process and the popularization of scientific developments. *Glavny zootekhnik* = Head of Animal Breeding. 2022;(9(230)):3–16. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33920/sel-03-2209-01>
22. Nedashkovsky I. S., Konte A. F., Sermyagin A. A. Influence of the level of genomic inbreeding holstein and black-and-white sires on genetic variability and evaluation of the estimated breeding value of the body type of their daughters. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK* = Achievements of Science and Technology of AICis. 2023;37(6):66–74. (In Russ.). DOI: https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_6_66
23. Nedashkovsky I. S., Sermyagin A. A., Kostyunina O. V. Influence of the level of genomic inbreeding assessed by ROH-patterns on reproductive qualities and milk productivity of daughters and sperm productivity of holstein sires. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK* = Achievements of Science and Technology of AICis. 2021;35(3):39–45. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2021-10307>
24. Nedashkovsky I. S., Konte A. F., Narishkina E. N., Sermyagin A. A. Influence of the level of inbreeding of daughters of holstein and black mottled sires on the assessment of their body type. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo* = Journal of Dairy and Beef Cattle Farming. 2023;(2):3–6. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33943/MMS.2023.36.93.002>
25. Nedashkovsky I. S., Konte A. F., Volkova V. V., Sermyagin A. A. The influence of the level of homozygosity for str-markers of holstein sires on the indicators of inheritance of the body type of their daughters on the basis of linear assessment. *Izvestiya Nizhne-volzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: Nauka i visshiee professionalnoe obrazovanie* = Proceedings of Nizhnevolzhskiy Agrouniversity Complex: Science and Higher Vocational Education. 2022;4(68):294–302. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-04-35>
26. Konte A. F., Nedashkovsky I. S., Ermilov A. N., Sermyagin A. A. The influence of bull's inbreeding level on indicators of their daughter's body type. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo* = Journal of Dairy and Beef Cattle Farming. 2022;(4):19–25. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.33943/MMS.2022.26.83.003>

Сведения об авторах

✉ **Недашковский Игорь Сергеевич**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник, зав. отделом национального каталога Национального центра генетических ресурсов с.-х. животных, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», пос. Дубровицы, д. 60, г. о. Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0487-4576>, e-mail: nedashkovsky_is@mail.ru

Контэ Александр Федорович, кандидат с.-х. наук, старший научный сотрудник отдела популяционной генетики и генетических основ разведения животных, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», пос. Дубровицы, д. 60, г.о. Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4877-0883>

Сермягин Александр Александрович, кандидат с.-х. наук, директор, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), д. 55а, Московское шоссе, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Российская Федерация, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1799-6014>

Кольцов Дмитрий Николаевич, доктор биол. наук, директор, обособленное подразделение Смоленский НИИСХ, ФГБНУ Федеральный научный центр лубяных культур, д. 21, ул. Нахимова, г. Смоленск, Российская Федерация, 214025, e-mail: info.sml@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3977-8552>

Волкова Валерия Владимировна, кандидат биол. наук, ведущий научный сотрудник лаборатории ДНК-технологий в животноводстве, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», пос. Дубровицы, д. 60, г.о. Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2080-0182>

Information about the authors

✉ **Igor S. Nedashkovsky**, PhD in Biological Science, senior researcher, Head of the National Catalog Department of the National Center for Genetic Resources of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Dubrovitsy village, 60, Podolsk City District, Moscow Region, Russian Federation, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0487-4576>, e-mail: nedashkovsky_is@mail.ru

Aleksandr F. Konte, PhD in Agricultural Science, senior researcher, the Department of Population Genetics and Genetic Bases of Animal Breeding, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Dubrovitsy village, 60, Podolsk City District, Moscow Region, Russian Federation, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4877-0883>

Aleksandr A. Sermyagin, PhD in Agricultural Science, director, Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding – Branch of the L. K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Moskovskoe Shosse, 55a, Pushkin, St. Petersburg, Russian Federation, 196601, e-mail: spbvniigen@mail.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1799-6014>

Dmitry N. Koltsov, DSc in Biology, director, the separate division Smolensk Research Institute of Agriculture, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, st. Nakhimova 21, Smolensk, Russian Federation, 214025, e-mail: info.sml@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3977-8552>

Valeria V. Volkova, PhD in Biological Science, leading researcher, the Laboratory of DNA Technologies in Animal Husbandry, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, Dubrovitsy village, 60, Podolsk City District, Moscow Region, Russian Federation, 142132, e-mail: vijinfo@yandex.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2080-0182>

✉ – Для контактов / Corresponding author