

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ ЖИВОТНЫХ

ANIMAL BREEDING, SELECTION, GENETICS, AND BIOTECHNOLOGY



УДК 619:636.2:575.174.4

Оригинальное эмпирическое исследование

<https://doi.org/10.23947/2949-4826-2026-25-1-41-49>


EDN: TSFAPY

Поиск ассоциаций однонуклеотидных полиморфизмов с показателями экстерьера (тазовые параметры) коров голштинской породы

М.В. Бытов , В.Д. Зубарева , А.С. Краснощёров , Н.А. Безбородова ,М.А. Печёнкина , О.В. СоколоваУральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук,
г. Екатеринбург, Российская Федерация✉ bytovmaks@mail.ru

Аннотация

Введение. Экстерьерные параметры коровы могут иметь решающее значение в развитии патологического состояния, например, особенности строения крестца могут быть связаны с риском дистоции (патологические или трудные роды). Параметры таза являются одним из ключевых факторов управления легкостью отела в молочном скотоводстве, однако современная селекция направлена на закрепление в стаде особей с наибольшей молочной продуктивностью и длительным хозяйственным использованием, и экстерьерные параметры, к сожалению, учитываются в меньшей степени. Цель исследования — выявить ассоциации однонуклеотидных полиморфизмов с экстерьерными показателями таза коров, играющими важную роль в предрасположенности к легкому или трудному отелу, что позволит определить генетические маркеры для использования в селекционных программах.

Материалы и методы. Исследование проведено в Уральском НИВИ — структурном подразделении ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН в период с 2023 по 2025 гг. Исследованы модели наследования экстерьерных параметров по трем проекциям таза коров голштинской породы ($n=155$): высота в крестце, ширина в маклоках, ширина в седалищных буграх. Ассоциативные тесты проведены с использованием SNPAssoc для программной среды R.

Результаты исследования. Установлено, что средние значения и стандартные отклонения для высоты таза коров в крестце равны $161,7 \pm 5,3$ см; для ширины в маклоках — $41,1 \pm 3,9$ см; для ширины в седалищных буграх — $22,4 \pm 2,1$ см. Проведено генотипирование каждой особи по 13 полиморфизмам. Для коров голштинской породы по rs109452259 выявлен отрицательный эффект аллеля C^* на ширину в маклоках. Обнаружено предположительно эпистатическое взаимодействие для rs134055603 и rs43038601 для генотипов G/G и C/A , соответственно, с положительным эффектом на высоту в крестце. Также обнаружено эпистатическое взаимодействие для rs134055603 и rs137396952, вероятно, с синергическим характером для генотипа C/A и C/C соответственно.

Обсуждение и заключение. Полученные в ходе исследования данные статистически достоверны для наблюдаемого взаимодействия. К потенциальным ограничениям исследования следует отнести возможное влияние неучтенных смешивающих факторов, таких как вариабельность внутри исследуемых групп по возрасту животных, живой массе, номеру лактации и т. д. Подтверждение биологических механизмов требует дополнительных функциональных исследований.

Ключевые слова: коровы, голштинская порода, экстерьерные показатели, высота в крестце, ширина в маклоках, ширина в седалищных буграх, полиморфизмы, генетические ассоциации, селекция

Финансирование. работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации по теме № 0532-2025-0003 «Разработка высокоточных методов идентификации генетических детерминант устойчивости к заболеваниям для использования в селекции крупного рогатого скота».

Для цитирования. Бытов М.В., Зубарева В.Д., Красноперов А.С., Безбородова Н.А., Печёнкина М.А., Соколова О.В. Поиск ассоциаций однонуклеотидных полиморфизмов с показателями экстерьера (тазовые параметры) коров голштинской породы. *Ветеринарная патология*. 2026;25(1):41–49. <https://doi.org/10.23947/2949-4826-2026-25-1-41-49>

Original Empirical Research

Finding Associations of Single Nucleotide Polymorphisms with Exterior Traits (Pelvic Parameters) in Holstein Cows

Maksim V. Bytov ✉, Vladlena D. Zubareva , Alexander S. Krasnoperov , Natalia A. Bezborodova ,
Marina A. Pechenkina , Olga V. Sokolova

Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russian Federation

✉ bytovmaks@mail.ru

Abstract

Introduction. Exterior traits of a cow can have crucial effect on development of pathological conditions, for example, sacrum anatomy features can be related to the risk of dystocia (pathological or difficult parturition). In dairy farming, pelvic parameters are one of the key factors enabling control of easy calving. However, modern breeding focuses on selection of the herd individuals with the highest milk yield and long-term economic productivity, whereas the exterior traits, unfortunately, are taken into account to a lesser extent. The aim of the present research is to identify associations of single-nucleotide polymorphisms with cow pelvic exterior parameters that are important prerequisites of susceptibility to easy or difficult calving. As a result, it will be possible to determine the genetic markers to be included into the selection-breeding programs.

Materials and Methods. The study was conducted at Ural Research Veterinary Institute — a structural division of Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences in the period from 2023 to 2025. The exterior trait inheritance patterns were studied in Holstein cows (n=155) across three pelvic dimensions: sacrum height, hip width, and ischial tuberosity width. Association tests were conducted using SNPAssoc R package.

Results. The mean values and standard deviations for pelvic height at sacrum in cows were found to be 161.7±5.3 cm; for width at hips — 41.1±3.9 cm; for width at ischial tuberosities — 22.4±2.1 cm. For each individual, genotyping with 13 polymorphisms was performed. Rs109452259 polymorphism in C* allele was revealed to have negative effect on hip width in Holstein cows. Rs134055603 and rs43038601 polymorphisms in G/G and C/A genotypes respectively, were established to have putative epistatic interaction with positive effect on the sacrum height. Also, rs134055603 and rs137396952 polymorphisms in C/A and C/C genotypes respectively were found to have possibly synergistic effect.

Discussion and Conclusion. The data obtained in the frame of the study are reliable for the observed-level statistical interaction. Potential limitations of the study include possible influence of the unaccounted confounding factors, such as variability of animals within the studied groups by age, live body weight, lactation number, etc. For confirmation of the biological mechanisms, further functional studies are required.

Keywords: cows, Holstein breed, exterior traits, sacrum height, hip width, ischial tuberosity width, polymorphisms, genetic associations, selection-breeding

Funding: The research was conducted in the frame of the State Assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation No. 0532-2025-0003 “Development of High-Precision Methods for Identifying Genetic Determinants of Disease Resistance for Use in Cattle Breeding”.

For Citation: Bytov MV, Zubareva VD, Krasnoperov AS, Bezborodova NA, Pechenkina MA, Sokolova OV. Finding Associations of Single Nucleotide Polymorphisms with Exterior Traits (Pelvic Parameters) in Holstein Cows. *Russian Journal of Veterinary Pathology*. 2026;25(1):41–49. <https://doi.org/10.23947/2949-4826-2026-25-1-41-49>

Введение. В современном животноводстве экстерьер крупного рогатого скота является важнейшим производственным показателем, напрямую влияющим на состояние здоровья, продуктивные показатели и репродуктивную функцию [1]. Индексы телосложения, учитываемые при селекции молочных коров, являются одними из первоначальных показателей оценки непродуктивных признаков [2]. Gibson с соавторами предпо-

лагают, что рост теленка связан с последующей лактационной эффективностью коров: более высокие телята производят в будущем больше молока за несколько лактаций, чем более низкие, с учётом живой массы [3]. Результаты исследования Schmidtman с соавторами показывают, что животные более крупного размера с выраженными костными выступами и низким индексом кондиции тела BCS (Body Condition Score) более подвержены метаболическим нарушениям [4].

Экстерьерные параметры могут иметь решающее значение в развитии патологического состояния животного. Например, особенности строения крестца могут быть связаны с риском дистоции (патологические или трудные роды) [5]. Значительно более высокая доля дистоции была обнаружена у коров как с узким крестцом, так и наоборот, с более широким по сравнению с оптимальным для отела анатомическим строением крестца [6]. Влияние породы на частоту дистоции объясняется различиями в относительной массе тела при рождении, строении таза и значительными колебаниями размеров таза у некоторых пород [5]. Поскольку современная селекция направлена в основном на закрепление в стаде особей с наибольшей молочной продуктивностью и длительным хозяйственным использованием, дистоция остается серьезной проблемой, частота встречаемости которой оценивается от 10 до 50 % [7].

Цель исследования — выявить ассоциации однонуклеотидных полиморфизмов с экстерьерными показателями таза коров голштинской породы, играющими важную роль в формировании предрасположенности к легкому или трудному отелу. Полученные данные позволят определить генетические маркеры для использования в селекционных программах совершенствования стада.

Материалы и методы. Работа выполнена в отделе геномных исследований и селекции животных Уральского НИВИ – структурного подразделения ФГБНУ УрФАНЦ УрО РАН в период с 2023 по 2025 гг. ПЦР-исследования проведены на образцах ДНК коров голштинской породы (n=155) из двух сельскохозяйственных организаций (СХО), занимающихся разведением крупного рогатого скота (СХО № 1, n=70; СХО № 2, n=85). В исследованную выборку были включены животные с одной и более лактациями. Этические стандарты соблюдены: проведение исследований (отбор крови у животных из хвостовой вены) было одобрено Комиссией по биоэтике ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» (протокол № 136 от 13 октября 2025 г.)

Оценка экстерьерного линейного профиля животных выполнена по трем проекциям: высота в крестце, ширина в маклоках, ширина в седалищных буграх. Описательная статистика фенотипов — средние значения, стандартные отклонения — выполнена с помощью программы STATISTICA 12 (StatSoft Inc, США).

Проведено генотипирование по 13 SNPs для всей выборки коров. Для выполнения ассоциативных тестов исследованы полиморфные маркеры rs134055603, rs137396952, rs109452259, rs110347054, rs110352004, rs133674837, rs109529386, rs109279094, rs109611915, rs134668940, rs41567027, rs43038601, rs41255693, ранее показавшие в ходе GWAS-исследований достоверные

ассоциации по отношению к ряду физиологически ценных параметров крупного рогатого скота:

- продуктивное долголетие [8];
- легкость отела [9, 10];
- вес тела [11];
- длина туши после разделки [12]
- и других параметров продуктивности [10, 13].

В данной статье представлены как собственные разработки по технологии генотипирования TaqMan, так и уже ранее описанные тест-системы (таблица 1).

Оценку взаимосвязи с фенотипом на основе полученных генетических данных проводили по каждому полиморфному локусу в отдельности. В веб-инструменте SNPStats (Institut Català d'Oncologia, Испания) [19] и пакете SNPAssoc [20] для программной среды R (Autonomous University of Barcelona, Испания) оценивали 5 моделей наследования признака: кодоминантная, доминантная, рецессивная, сверхдоминантная и log-аддитивная; а в качестве величины эффекта выступало отношение шансов (разница в значениях параметров экстерьера) с 95%-ным доверительным интервалом по сравнению с гомозиготой по альтернативному аллелю.

Для проведения ассоциативных исследований с помощью пакета SNPAssoc в программной среде R использовали функцию WGassociation. Для проверки наличия «ген-ген» взаимодействий использовали функцию interactionPval (Phen, data=data, model='co'). Выполнены ассоциативные тесты по трем проекциям таза: высота в крестце, ширина в маклоках, ширина в седалищных буграх; а также оценка наличия «ген-ген» взаимодействия по каждому из экстерьерных параметров. Для более детального изучения комбинаций аллелей, имеющих вклад в формирование признака с учетом «ген-ген» взаимодействий, была построена линейная модель: $\text{lm}(\text{"Phen"} \sim \text{"SNP1"}, \text{"*"}, \text{"SNP2"}, \text{data=data})$. Для эпистатических отношений она представляет собой перебор каждой комбинации генотипов и определение для каждой из таких комбинаций среднего значения по фенотипу. При выполнении каждого анализа выполнена post-hoc поправка Бонферрони.

Результаты исследования. Определено, что для голштинских коров средние значения и стандартные отклонения для высоты в крестце равны 161,7±5,3 см; для ширины в маклоках — 41,1±3,9 см; для ширины в седалищных буграх — 22,4±2,1 см.

Показано, что большие значения ширины таза обеспечивают достаточно места для благополучного вынашивания плода и легкого отела, а также необходимое пространство между задними конечностями для более объемного чашеобразного вымени [21]. Таким образом, благоприятным фенотипом считаются большие значения каждого из трёх параметров экстерьера.

Таблица 1

Олигонуклеотиды, использованные в данном исследовании для генотипирования крупного рогатого скота

SNP, локализация и геномный контекст	Олигонуклеотиды	Ампликон, п.н.	Источник
rs133674837 6:21766662 <i>BDH2</i>	F, AAAGAAGGTGCCAAAGT	91	Данное исследование
	R, TCAAGCTATGGAGGTGCT		
	P1, [R6G]ATCAATGACTCCAAACT[BHQ1]		
	P2, [ROX]ATATCAATGAATCCAAACT[BHQ2]		
rs41567027 6:43657946 <i>PPARGC1A</i>	F, CACTAGAAAGCACACTTCA	197	Данное исследование
	R, AACTTGGCTGTGTGGAA		
	P1, [R6G]AGAAGCCGCAAGGTCA[BHQ1]		
	P2, [ROX]CAGAAGCTGCAAGGTCA[BHQ2]		
rs109279094 6:45175137 <i>PPARGC1A</i>	F, ACTAAACCTCTGTCTT	338	Данное исследование
	R, GATTGTGTCAGTCTCT		
	P1, [R6G]TCCCCAGACTCATAA[BHQ1]		
	P2, [ROX]CTCCCCTAGACTCATAAC[BHQ2]		
rs109611915 6:88739941 <i>GC – NPFFR2</i>	F, CCTTGTAATGCAGAATCCAC	132	Данное исследование
	R, GAACCAAACGTTGACCTGAT		
	P1, [R6G]TCATTTTGCAGATAACAGAAC[BHQ1]		
	P2, [ROX]TTCATTTTGAAGATAACAGAACTA[BHQ2]		
rs110347054 6:88751491 <i>GC – NPFFR2</i>	F, GGAGCTGGGATTGATGCCTAC	226	[14]
	R, AAGAAAATCA+CA+CTTCAAAGGATA		
	P1, [ROX]CCTACTCCCTC+G+CTGGGTG[BHQ2]		
	P2, [Cy5]CCTACTCCCTCC+G+CTGGGTG[BHQ2]		
rs109452259 6:88800322 <i>GC – NPFFR2</i>	F, GCAAAAACACAATATGCTGGAT	415	[16, 15]
	R, AGGTCAAACAATAACAGTGG		
	P1, [ROX]CTTGTC+A+A+CTT+C+CA[BHQ2]		
	P2, [FAM]CTTGTC+A+C+CTTCCA[BHQ1]		
rs137396952 6:88817457 <i>GC – NPFFR2</i>	F, ATGCAGCAGAAACAAGGGTTAAA	225	[17]
	R, GTACAGCCACTGTGCAACAAC		
	P1, [HEX]GA+TT+CAGCATG+G+T+G+TCAG[BHQ2]		
	P2, [Cy5]GATT+CAGCATG+G+C+G+TCAG[BHQ3]		
rs134055603 6:88832335 <i>GC – NPFFR2</i>	F, GACAAGGCTTTTGTAGGTGAAA	316	[17]
	R, CAAAGCAACCACACAATGTTG		
	P1, [HEX]CAT+TT+TCT+T+A+GA+CT+T+CTG[BHQ1]		
	P2, [Cy5]CATTTTCT+T+G+GA+CT+T+CTG[BHQ3]		
rs134668940 6:88838658 <i>GC – NPFFR2</i>	F, GGCAGAGAACTTGACT	276	Данное исследование
	R, AGTATCTTG+GCCTCTT		
	P1, [R6G]AGAATAGCACATGGCACA[BHQ1]		
	P2, [ROX]TAGAATAGCAAATGGCACATA[BHQ2]		
rs110352004 6:88948552 <i>GC – NPFFR2</i>	F, GTAGGGATT+GAT+GC+CCTTGAA	232	[14]
	R, TACAATA+CA+C+CATAT+CTTTTCATCC		
	P1, [HEX]AA+TA+C+GTAC+AA+CACT+CT+T[BHQ1]		
	P2, [ROX]TA+C+GTAC+GA+CACTCTGT[BHQ2]		
rs109529386 25:26982725 <i>LOC100847190 – ZNF688</i>	F, ACTAAAGATCCCACGTGCTA	500	Данное исследование
	R, GTCTTACTACTGTCCCCACA		
	P1, [R6G]AAGGTGCCACAGCCAGA[BHQ1]		
	P2, [ROX]AGGTGCCGAGCCA[BHQ2]		
rs43038601 18:57032285 <i>TRNAG-UCC – TRNAG-UCC</i>	F, TGATAACACGTACA+GAGT	180	Данное исследование
	R, CAATAAGGCGATTTCGTGG		
	P1, [R6G]TGGTGTCTCGGTTGC[BHQ1]		
	P2, [ROX]TGTCTAGGTTGCTTTTACTG[BHQ2]		
rs41255693 26:21272422 <i>SCD1</i>	F, CCCTTATGACAAGACCATCAACC	90	[18]
	R, GACGTGGTCTTGCTGTGGACT		
	P1, [FAM]CTTACCCACAGCTCCCA[BHQ1]		
	P2, [HEX]TACCCGAGCTCCC[BHQ1]		

Обнаружены значимые эффекты SNP rs109452259 на значение ширины в маклоках для голштинских коров по кодоминантной, доминантной и log-аддитивной моделям наследования. Наименьшее значение AIC для rs109452259 по доминантной модели наследования, причем генотипы C/A и A/A имеют разницу с C/C, равную 2,17 см; значение $p=0,0006$.

Интересная особенность, выявляемая в ходе изучения наследования того или иного фенотипа, заключается в наличии «ген-ген» взаимодействий полиморфизмов. В данном исследовании определено наличие эпистатических отношений для пар полиморфизмов rs134055603 – rs43038601 и rs134055603 – rs137396952 по кодоминантной модели наследования (рис. 1). Уровень значимости для них скорректирован: уровень $\alpha < 0,00032$.

Статистически значимое наличие эпистатических взаимосвязей выявлено для полиморфизма rs134055603. Данный SNP имеет значимый положительный вклад в высоту крестца только при наличии аллеля A* в генотипе по полиморфизму rs43038601, а его отсутствие (комбинация G/G и C/C по rs134055603 и rs43038601 соответственно) имеет отрицательный эффект по фенотипу (рис. 2). Стоит отметить, что количество особей с генотипом A/A по полиморфизму rs43038601 по каждой из трех комбинаций ≤ 3 . Таким образом, интерпретация данных комбинаций генотипов невозможна. Для других шести комбинаций выборка на каждую из них составляет ≥ 10 .

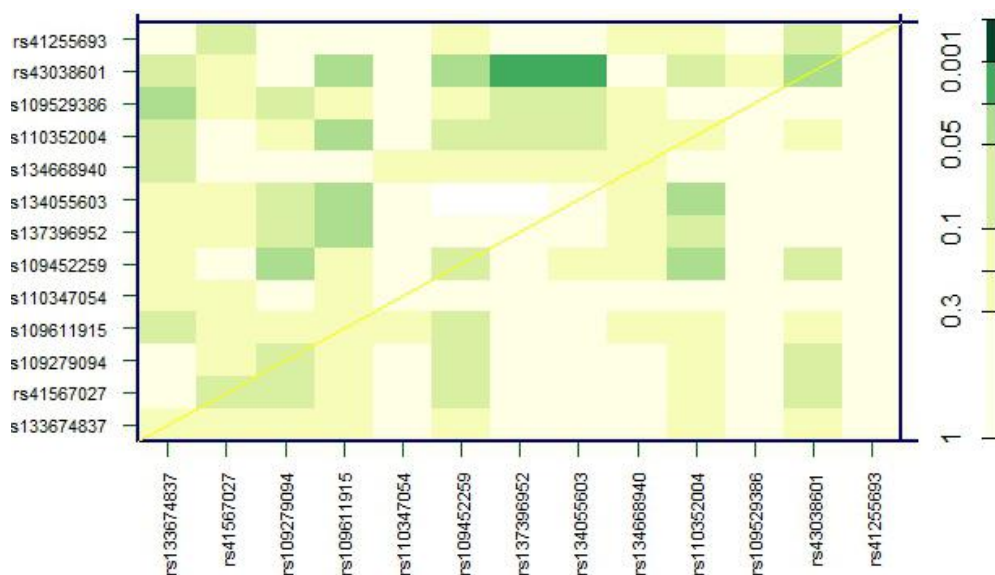


Рис. 1. Скрининг на наличие эпистатических и аддитивных взаимодействий полиморфизмов при наследовании высоты в крестце для коров голштинской породы

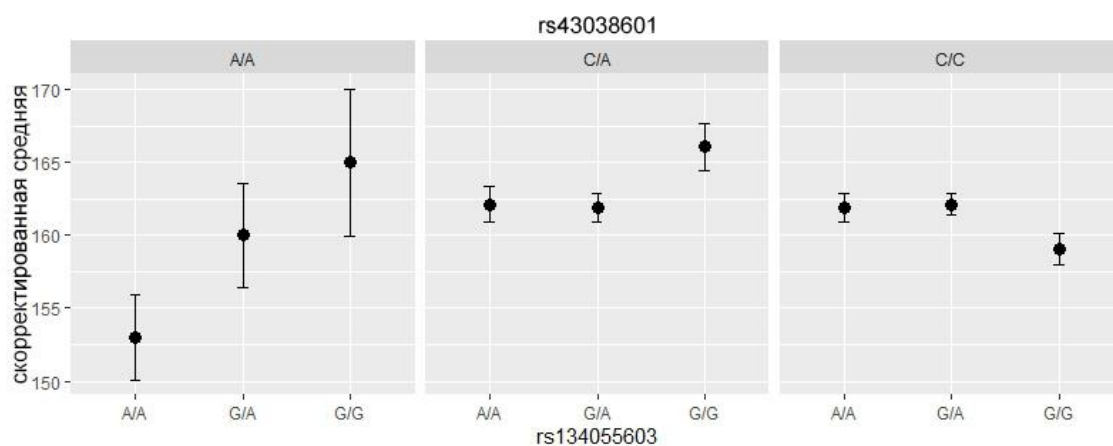


Рис. 2. График с сеткой фасетов для объединенных выборок коров голштинской породы по отношению к высоте в крестце для эпистаза rs134055603 и rs43038601. Скорректированный $R^2 = 0,0923$. F-критерий = 2,957. Значение $p < 0,0043$

Противоположный характер эпистатических отношений выявлен для rs134055603 с полиморфизмом rs137396952. Комбинация аллеля A* в генотипе rs134055603 и аллеля C* в генотипе rs137396952 имеет

положительный эффект по отношению к высоте в крестце (рис. 3). Стоит повторить, что количество особей с генотипом A/A по полиморфизму rs43038601 по каждой из трех комбинаций ≤ 3 .

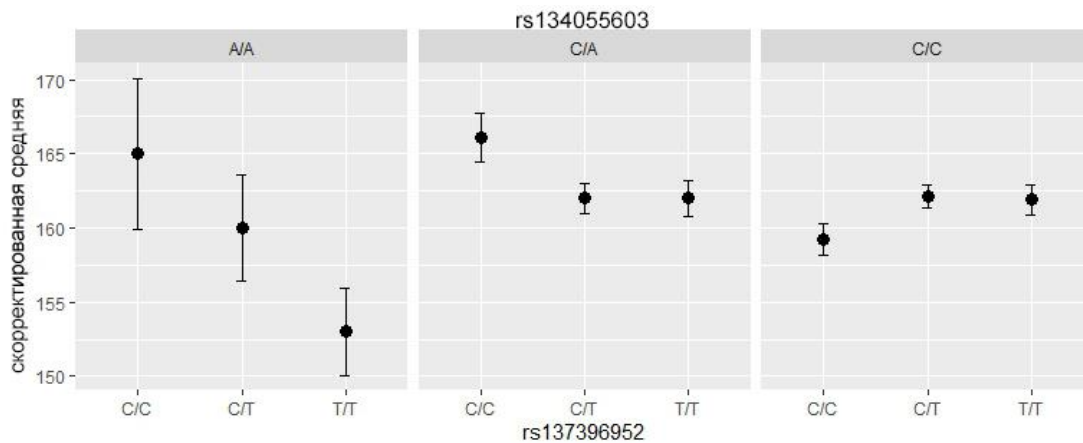


Рис. 3. График с сеткой фасетов для объединенных выборок коров голштинской породы по отношению к высоте в крестце для эпистаза rs134055603 и rs137396952. Скорректированный R2 = 0,0902. F-критерий = 2,909. Значение p < 0,0049

Обсуждение и заключение. В ходе исследования 155 голов крупного рогатого скота голштинской породы определены средние значения и стандартные отклонения для высоты в крестце (161,7±5,3 см), ширины в маклоках (41,1±3,9 см) и ширины в седалищных буграх (22,4±2,1 см). Проведено генотипирование каждой особи по 13 полиморфизмам. Выявлено, что для коров голштинской породы при генотипировании по rs109452259 желательно проводить отрицательный отбор по аллелю C* для повышения показателя ширины в маклоках. Обнаружено эпистатическое взаимодействие для rs134055603 и rs43038601, вероятно, с синергическим характером для генотипа G/G и C/A соответственно. Обнаружено эпистатическое взаимодействие

для rs134055603 и rs137396952, вероятно, с синергическим характером для генотипа C/A и C/C соответственно. Полученные данные достоверны для статистически наблюдаемого взаимодействия, подтверждение биологических механизмов требует дополнительных функциональных исследований.

К потенциальным ограничениям исследования следует отнести возможное влияние неучтенных смешивающих факторов. К числу таких факторов могут относиться вариабельность внутри исследуемых групп по возрасту животных, живой массе, номеру лактации и происхождению (сельскохозяйственной организации). Их наличие могло оказать влияние на полученные результаты и их последующую интерпретацию.

Список литературы / References

1. Peng Ch, Cao Sh, Li Sh, Bai T, Zhao Z, Sun W. Automated Measurement of Cattle Dimensions Using Improved Keypoint Detection Combined with Unilateral Depth Imaging. *Animals*. 2024;14(17):2453. <https://doi.org/10.3390/ani14172453>
2. Zhang Zh, Yang J, Yao Y, Wang D, Lu X, Yang Zh. Body Conformation Traits in Early-Lactation Associated with Clinical Mastitis and Lameness in Lactating Chinese Holstein Cows. *BMC Veterinary Research*. 2024;20(1):85. <https://doi.org/10.1186/s12917-024-03931-1>
3. Gibson MJ, Adams BR, Back PJ, Hickson RE, Dittmer KE, Rogers CW. Live Weight and Bone Growth from Birth to 23 Months of Age in Holstein–Friesian, Jersey and Crossbred Heifers. *Dairy*. 2022;3(2):333–344. <https://doi.org/10.3390/dairy3020026>
4. Schmidtman C, Segelke D, Bennewitz J, Tetens J, Thaller G. Genetic Analysis of Production Traits and Body Size Measurements and Their Relationships with Metabolic Diseases in German Holstein Cattle. *Journal of Dairy Science*. 2023;106(1):421–438. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22363>
5. Bila L, Tyasi TL, Fourie P, Katikati A. Classification and Regression Tree Analysis to Predict Calving Ease in Sussex Heifers Using Pelvic Area Dimensions and Morphological Traits. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*. 2021;8(1):164–172. <https://doi.org/10.5455/javar.2021.h499>
6. Sawa A, Bogucki M, Krężel-Czopek S, Neja W. Association between Rump Score and Course of Parturition in Cows. *Archiv Tierzucht (Archives Animal Breeding)*. 2013;56(81):816–822. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-081>
7. Crociati M, Sylla L, De Vincenzi A, Stradaoli G, Monaci M. How to Predict Parturition in Cattle? A Literature Review of Automatic Devices and Technologies for Remote Monitoring and Calving Prediction. *Animals*. 2022;12(3):405. <https://doi.org/10.3390/ani12030405>
8. Nayeri S, Sargolzaei M, Abo-Ismael MK, Miller S, Schenkel F, Moore SS, Stothard P. Genome-Wide Association Study for Lactation Persistency, Female Fertility, Longevity, and Lifetime Profit Index Traits in Holstein Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*. 2017;100(2):1246–1258. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11770>

9. Abo-Ismael MK, Brito LF, Miller SP, Sargolzaei M, Grossi DA, Moore SS, et al. Genome-Wide Association Studies and Genomic Prediction of Breeding Values for Calving Performance and Body Conformation Traits in Holstein Cattle. *Genetics, Selection, Evolution*. 2017;49:82. <https://doi.org/10.1186/s12711-017-0356-8>
10. Jiang J, Li M, Prakapenka D, VanRaden PM, Cole JB, Da Y. A Large-Scale Genome-Wide Association Study in U.S. Holstein Cattle. *Frontiers in Genetics*. 2019;10:412. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00412>
11. Snelling WM, Allan MF, Keele JW, Kuehn LA, McDanel T, Smith TP, et al. Genome-Wide Association Study of Growth in Crossbred Beef Cattle. *Journal of Animal Science*. 2010;88(3):837–848. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2257>
12. Liu R, Fang X, Lu X, Liu Y, Li Y, Bai X, et al. Polymorphisms of the SCD1 Gene and Its Association Analysis with Carcass, Meat Quality, Adipogenic Traits, Fatty Acid Composition, and Milk Production Traits in Cattle. *Animals*. 2024;14(12):1759. <https://doi.org/10.3390/ani14121759>
13. Позовникова М.В., Сердюк Г.Н., Тулинова О.В., Терлецкий В.П., Деметьева Н.В., Митрофанова О.В. Связь полиморфных вариантов гена стеароил-коа-десатураза (SCD1) с хозяйственно ценными признаками в российской популяции коров айрширской породы. *Сельскохозяйственная биология*. 2017;52(6):1139–1147. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2017.6.1139rus>
- Pozovnikova MV, Serdyuk GN, Tulinova OV, Terletskiy VP, Dementeva NV, Mitrofanova OV. Association of Polymorphic Types of Stearoyl-Coa Desaturase Gene (*SCD1*) with Economically Valuable Traits in Russian Population of Ayrshire Cows. *Agricultural Biology*. 2017;52(6):1139–1147. (In Russ.) <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2017.6.1139eng>
14. Бытов М.В., Нохрин Д.Ю., Зубарева В.Д., Исаева А. Г., Соколова О. В. Post-GWAS-исследование предрасположенности коров разных пород к маститу. *Аграрный вестник Урала*. 2024;24(12):1648–1672. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-12-1648-1672>
- Bytov MV, Nokhrin DYu, Zubareva VD, Isaeva AG, Sokolova OV. Post-GWAS Study of the Predisposition of Cows of Different Breeds to Mastitis. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024;24(12):1648–1672. (In Russ.) <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-12-1648-1672>
15. Бытов М.В., Зубарева В.Д., Вольская С.В., Исаева А.Г., Нохрин Д.Ю., Осипова Ю.А. и др. Генетическое разнообразие пяти пород крупного рогатого скота по SNP-маркерам, ассоциированным с состоянием здоровья. *Генетика*. 2024;60(6):55–61. <https://doi.org/10.31857/S0016675824060056>
- Bytov MV, Zubareva VD, Volskaya SV, Isaeva AG, Nokhrin DY, Osipova YA, et al. Assessing the Genetic Diversity of Five Cattle Breeds Using SNP Markers Associated with Health. *Russian Journal of Genetics*. 2024;60(6):55–61. (In Russ.) <https://doi.org/10.31857/S0016675824060056>
16. Bytov MV, Zubareva VD, Volskaya SV, Isaeva AG, Nokhrin DY, Osipova YA, et al. Assessing the Genetic Diversity of Five Cattle Breeds Using SNP Markers Associated with Health. *Russian Journal of Genetics*. 2024;60:747–753. <https://doi.org/10.1134/S1022795424700182>
17. Бытов М.В., Соколова О.В., Безбородова Н.А., Красноперов А. С., Исаева А. Г. Методы генотипирования крупного рогатого скота для post-GWAS аннотирования SNPs. *Аграрный вестник Урала*. 2023;235(6):67–75. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2023-235-06-67-75>
- Bytov MV, Sokolova OV, Bezborodova NA, Krasnoperov AS, Isaeva AG. Cattle Genotyping Methods for Post-GWAS Annotation of SNPs. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2023;235(6):67–75. (In Russ.) <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2023-235-06-67-75>
18. Ковальчук С.Н., Архипова А.Л., Климов Е.А., Скачкова О.А. Способ генотипирования крупного рогатого скота по аллелям 878 СТ гена *scd1* (*rs41255693*) методом ПЦР в режиме реального времени. Патент РФ, № 2744174. 2021.
- Kovalchuk SN, Arkhipova AL, Klimov EA, Skachkova OA. Method for Cattle Genotyping by Alleles 878 of *scd1* (*rs41255693*) Gene by PCR in Real Time. Patent of the Russian Federation No 2744174. 2021. (In Russ.)
19. Solé X, Guinó E, Valls J, Iniesta R, Moreno V. SNPStats: A Web Tool for the Analysis of Association Studies. *Bioinformatics*. 2006;22(15):1928–1929. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl268>
20. González JR, Armengol L, Solé X, Guinó E, Mercader JM, Estivill X, et al. SNPAssoc: an R Package to Perform Whole Genome Association Studies. *Bioinformatics*. 2007;23(5):644–645. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm025>
21. Боярина О.А., Адушинов Д.С., Лефлер Т.Ф., Линейная оценка экстерьера коров голштинской породы по канадской системе. *Вестник КрасГАУ*. 2025;(221):156–165. <https://doi.org/10.36718/1819-4036-2025-8-156-165>
- Boyarina OA. Linear Assessment of the Exterior of Holstein Cows According To The Canadian System. *Bulletin of KSAU*. 2025;(221):156–165. (In Russ.) <https://doi.org/10.36718/1819-4036-2025-8-156-165>

Об авторах:

Максим Владимирович Бытов, аспирант, младший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), bytovmaks@mail.ru

Владлена Дмитриевна Зубарева, младший научный сотрудник отдела геномных исследований и селекции животных Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), zzub97@mail.ru

Александр Сергеевич Красноперов, кандидат ветеринарных наук, заведующий лабораторией иммунологии и патобиохимии Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), marafon.86@list.ru

Наталья Александровна Безбородова, кандидат ветеринарных наук, заведующий отделом геномных исследований и селекции животных Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Scopus ID](#), n-bezborodova@mail.ru

Марина Андреевна Печёнкина, лаборант отдела геномных исследований и селекции животных Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а),

Ольга Васильевна Соколова, доктор ветеринарных наук, руководитель Уральского научно-исследовательского ветеринарного института, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук (620142, Российская Федерация, г. Екатеринбург, а/я 269, ул. Белинского, 112а), nauka_sokolova@mail.ru

Заявленный вклад авторов:

М.В. Бытов: разработка методологии, формальный анализ; подготовка первоначального варианта рукописи.

В.Д. Зубарева: проведение экспериментов и сбор данных; подготовка первоначального варианта рукописи.

А.С. Красноперов: проведение экспериментов и сбор данных.

Н.А. Безбородова: проведение экспериментов и сбор данных.

М.А. Печёнкина: редактирование и доработка рукописи.

О.В. Соколова: редактирование и доработка рукописи.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Все авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.

About the Authors:

Maksim V. Bytov, Postgraduate Student, Junior Research Associate of the Genomic Research and Animal Breeding Department, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str, P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), bytovmaks@mail.ru

Vladlena D. Zubareva, Junior Research Associate of the Genomic Research and Animal Breeding Department, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str., P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), zzub97@mail.ru

Alexander S. Krasnoperov, Cand.Sci. (Veterinary), Head of the Laboratory of Immunology and Pathobiochemistry, Ural Research Veterinary Institute, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str., P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), marafon.86@list.ru

Natalia A. Bezborodova, Cand.Sci. (Veterinary), Head of the Genomic Research and Animal Breeding Department, Ural Research Veterinary Institute, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str., P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Scopus ID](#), n-bezborodova@mail.ru

Marina A. Pechenkina, Laboratory Assistant of the Genomic Research and Animal Breeding Department, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str., P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [ORCID](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), pn190503@mail.ru

Olga V. Sokolova, Dr.Sci. (Veterinary), Director of the Ural Research Veterinary Institute, Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences (112a, Belinsky Str., P.O. Box 269, Ekaterinburg, 620142, Russian Federation), [SPIN-код](#), [Researcher ID](#), [Scopus ID](#), nauka_sokolova@mail.ru

Claimed Contributorship:

MV Bytov: development of methodology, formal analysis, preparing the draft of the manuscript.

VD Zubareva: conducting experiments and data collection, preparing the draft of the manuscript.

AS Krasnoperov: conducting experiments and data collection.

NA Bezborodova: conducting experiments and data collection.

MA Pechenkina: manuscript editing and refining.

Sokolova OV: manuscript editing and refining.

Conflict of Interest Statement: the authors declare no conflict of interest.

All authors have read and approved the final manuscript.

Поступила в редакцию / Received 12.01.2026

Поступила после рецензирования / Reviewed 06.02.2026

Принята к публикации / Accepted 09.02.2026