

СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПАРАМЕТРЫ ПОПУЛЯЦИИ ГОЛШТИНСКОГО СКОТА ПО ПРИЗНАКАМ С НЕПРЕРЫВНОЙ ИЗМЕНЧИВОСТЬЮ В ПЛЕМЕННОМ ЗАВОДЕ “БУГРЫ” ЛЕНИНГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ

Вадим Акимович Олонцев^{1✉}, Петр Иванович Уколов²

^{1,2} Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины, Российская Федерация
¹ ассистент кафедры кормления и разведения животных, e-mail: volontseff@yandex.ru, orcid.org/0009-0000-2851-8192

² канд. биол. наук, доц., кафедра кормления и разведения животных, orcid.org/0009-0004-1898-5386

РЕФЕРАТ

Основной задачей исследования, явилось проведение популяционно-статистического анализа интегрированных варьирующих признаков отбора по таким параметрам как: коэффициенты наследуемости, повторяемости, корреляции, средне-квадратическое отклонение. Вместе с тем селекционные параметры молочности коров — удой, массовая доля жира и белка, а также ключевые репродуктивные показатели — обнаруживают вариабельность в допустимых пределах и выраженные корреляционные связи. Геномная оценка быков-производителей на сегодняшний день является основной общепринятой и широко распространенной в мировой практике методикой определения племенной ценности; инновационный и результативный метод повышения эффективности молочного скотоводства и реализации генотипа производителя. В основе геномного прогноза и расчета селекционного дифференциала является оценка варьирующих признаков породного массива; с его корректировкой и уточнением новых фенотипических данных. Высокая повторяемость признаков между лактациями усиливает прогностическую ценность данных первой лактации и оправдывает ранний отбор, тогда как выраженная регрессия к среднему при низкой точности сигнализирует о недостаточной племенной ценности производителя. Описательная статистика подтверждает ожидаемую структуру фенотипа: удой за 305 дней имеет медиану 9 820 кг при межквартильном интервале 8 549–10 944 кг и умеренной относительной дисперсии ($CV \approx 18\%$); массовые доли жира и белка стабильны (3,60% [3,46–3,75] и 3,25% [3,13–3,39] соответственно; $CV \approx 6,9\%$ и $5,5\%$), тогда как выход компонентов в килограммах варьирует шире (жир 351,5 кг [310,1–390,1], $CV \approx 17,8\%$; белок 321,8 кг [270,8–366,0], $CV \approx 20,7\%$). Репродуктивный блок представлен большим размахом изменчивости: сервис-период медианный 114 дней [75–187] при $CV \approx 66,9\%$, а распределение соматических клеток выражено следующим образом (137×10^3 [77–300 $\times 10^3$], $CV \approx 138\%$). На стыке продуктивности и воспроизводства проявляются умеренные отрицательные связи: более раннее первое осеменение ассоциировано с более высокими удоєм и выходом компонентов ($r \approx -0,40$ с удоєм; $-0,47$ и $-0,35$ с белком и жиром в килограммах; с массовой долей белка $r \approx -0,48$), что отражает совместное влияние биологической зрелости и менеджмента. Актуальность проблематики исследования состоит в необходимости непрерывного мониторинга входящих данных и корректировке геномного прогноза.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, голштинская порода, селекционно-генетические параметры, среднеквадратическое отклонение, коэффициенты корреляции, наследуемости и повторяемости смежные генерации, молочная продуктивность, признаки селекции, родственные группы, племенная база.

Для цитирования: Олонцев В.А., Уколов П.И. Селекционно-генетические параметры популяции голштинского скота по признакам с непрерывной изменчивостью в племенном заводе «Бугры» Ленинградской области. Нормативно-правовое регулирование в ветеринарии. 2025;3:93-97. <https://doi.org/10.52419/issn2782-6252.2025.3.93>

SELECTION AND GENETIC PARAMETERS OF THE POPULATION OF HOLSTEIN CATTLE BY TRAITS WITH CONTINUOUS VARIABILITY AT THE BREEDING FARM "BUGRY" OF THE LENINGRAD REGION

Vadim Ak. Olontsev^{1✉}, Petr Iv. Ukolov²

^{1,2} Saint Petersburg State University of Veterinary Medicine, Russian Federation

¹ Assistant at the Department of Animal Nutrition and Breeding, e-mail: volontseff@yandex.ru, orcid.org/0009-0000-2851-8192

² Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Department of Animal Nutrition and Breeding, orcid.org/0009-0004-1898-5386

ABSTRACT

The main objective of the study was to conduct a population-statistical analysis of integrated varying selection characteristics according to such parameters as: coefficients of heritability, repeatability, correlation, mean-square deviation. At the same time, the breeding parameters of dairy cows — milk yield, mass fraction of fat and protein, as well as key reproductive indicators — show variability within acceptable limits and pronounced correlations. Genomic assessment of breeding bulls is currently the main generally accepted and widely used method in world practice for determining breeding value; an innovative and effective method for increasing the efficiency of dairy cattle breeding and implementing the producer's genotype. The basis of the genomic forecast and calculation of the breeding differential is the assessment of the varying characteristics of the breed

range; with its correction and refinement of new phenotypic data. The high repeatability of traits between lactation increases the predictive value of the first lactation data and justifies early selection, while a pronounced regression to the mean with low accuracy indicates insufficient breeding value of the producer. Descriptive statistics confirm the expected structure of the phenotype: milk yield for 305 days has a median of 9,820 kg with an interquartile range of 8,549–10,944 kg and moderate relative dispersion ($CV \approx 18\%$); the mass fractions of fat and protein are stable (3.60% [3.46–3.75] and 3.25% [3.13–3.39], respectively; $CV \approx 6.9\%$ and 5.5%), while the yield of components in kilograms varies more widely (fat 351.5 kg [310.1–390.1], $CV \approx 17.8\%$; protein 321.8 kg [270.8–366.0], $CV \approx 20.7\%$). The reproductive block is represented by a large range of variability: the median service period is 114 days [75–187] with a CV of 66.9%, and the distribution of somatic cells is expressed as follows (137×103 [77–300×103], $CV \approx 138\%$). There are moderate negative associations at the junction of productivity and reproduction: earlier first insemination is associated with higher milk yield and yield of components ($r \approx -0.40$ with milk yield; -0.47 and -0.35 with protein and fat in kilograms; with a mass fraction of protein $p \approx -0.48$), reflecting the combined effect of biological maturity and management. The relevance of the research problem lies in the need for continuous monitoring of incoming data and correction of the genomic forecast.

Key words: cattle, Holstein breed, selection and genetic parameters, standard deviation, correlation coefficients, heritability and repeatability of adjacent generations, milk productivity, selection traits, related groups, breeding base.

For citation: Olontsev V.A., Ukolov P.I. Selection and genetic parameters of the Holstein cattle population based on traits with continuous variability at the Bugry breeding farm in the Leningrad Region. Legal regulation in veterinary medicine. 2025;3:93–97. (in Russ) <https://doi.org/10.52419/issn2782-6252.2025.3.93>

ВВЕДЕНИЕ

Способность сельскохозяйственных животных сохранять и передавать потомству видовые, породные и индивидуальные особенности — фундамент стабильности селекционного процесса. Именно она обеспечивает формирование однородных по продуктивности групп и служит практическим инструментом для оценки препотентности родительских форм. Вместе с тем селекционные параметры молочности коров — удой, массовая доля жира и белка, а также ключевые репродуктивные показатели — обнаруживают вариабельность в допустимых пределах и выраженные корреляционные связи. По данным ряда работ, наблюдаемая изменчивость существенно зависит от взаимодействия генотипических и паратипических факторов: влияние среды в ряде исследований достигает и превышает 50% вклада в проявление молочной продуктивности, тогда как роль генотипа производителя подтверждается устойчивыми селекционными дифференциалами и воспроизводимостью геномных прогнозов в потомстве [1].

Современная селекция молочного скота фактически интегрирована в цифровую инфраструктуру анализа данных. На смену преимущественно описательным подходам пришли формализованные модели, восходящие к классике R. Fisher и S. Wright, J. Lush, — с обязательной оценкой дисперсионных компонентов, наследуемости и повторяемости, а также корреляций между признаками продуктивности, резистентности и воспроизводства. В рабочем контуре племенной работы используются многоуровневые информационно-вычислительные системы, обеспечивающие связку первичных фенотипических данных с оценкой племенной ценности по методу BLUP на модели «конкретного животного». Результатом являются значения племенной ценности — отклонения от среднего по популяции, — а при агрегировании по экономическим весам формируется интегральный BLUP-индекс, интерпретируемый как денежное преимущество потомков по сравнению со средним уровнем стада [14].

Развитие геномной селекции, которая дополняет и уточняет традиционные оценки по потомству; сопоставления показывают ее высокую эффективность у быков голштинской породы при корректном учете структуры родства и стратификации по стадам и сезонам широко внедряется сельхозтоваропроизводителями [5].

С точки зрения отраслевых трендов последних десятилетий, на фоне рекордных уровней удоя возрастают требования к экономике стада: окупаемость выращивания ремонтных нетелей, увеличение продолжительности продуктивного использования (не менее трех отелов) и снижение выбытия до достижения «пика» молочной продуктивности (4–7-я лактация) рассматриваются как ключевые условия эффективности. Невыдерживание этих условий ведет к фактической потере вложенных средств и смещает селекционные приоритеты в сторону устойчивости и долголетия наряду с объемными показателями молочной продуктивности [9].

Принципы повторяемости и наследуемости остаются методологическим «каркасом» отбора. Высокая повторяемость признаков между лактациями усиливает прогностическую ценность данных первой лактации и оправдывает ранний отбор, тогда как выраженная регрессия к среднему при низкой точности сигнализирует о недостаточной племенной ценности производителя. Параметры наследуемости и изменчивости определяют потенциальную скорость селекционного прогресса: признаки с высокой h^2 эффективно улучшаются массовым отбором, тогда как для низконаследуемых признаков требуются более длительные горизонты наблюдения и сложные многоуровневые модели.

В практической племенной работе оправдано использование порогов по стандартному отклонению как удобного критерия дифференциации методов подбора: до 1σ — однородный подбор, $\sim 1.5\sigma$ — умеренно разнородный, $\geq 2\sigma$ — разнородный подбор. Массовый и групповой отборы формируют селекционный дифференциал по целевым признакам в зависимости от стратегии

Таблица 1. Параметры изменчивости основных изученных признаков коров племенного завода «Бугры».

Table 1. Variability parameters of the main studied traits of cows of the Buggy breeding farm.

Средние параметры	Медиана [Q1–Q3]	Среднее $\pm$ SD	CV, %	Мин–Макс
Удой за 305, кг	9820.00 [8549.00–10944.00]	9751.49 $\pm$ 1756.26	18,01	1906.00–17894.00
Жир за 305, %	3.60 [3.46–3.75]	3.61 $\pm$ 0.25	6,89	2.65–5.30
Жир за 305, кг	351.50 [310.10–390.10]	350.89 $\pm$ 62.51	17,81	71.30–881.40
Белок за 305, %	3.25 [3.13–3.39]	3.26 $\pm$ 0.18	5,55	2.77–4.05
Белок за 305, кг	321.80 [270.80–366.00]	319.49 $\pm$ 66.07	20,68	71.30–662.60
Сомат.клетки за 305	137.00 [77.00–300.00]	265.08 $\pm$ 366.56	138,3	3.00–9215.00
Сервис период	114.00 [75.00–187.00]	145.53 $\pm$ 97.29	66,85	5.00–1160.00
1 осеменения, мес.	14.00 [13.00–16.00]	14.54 $\pm$ 2.58	17,72	9.00–53.00
1 плодотв.осем., мес.	15.00 [13.00–17.00]	15.43 $\pm$ 3.03	19,64	9.00–53.00
Возраст отела в днях	732.00 [682.00–786.00]	745.23 $\pm$ 92.98	12,48	517.00–1879.00

хозяйства, при этом оптимальная комбинация «объем $\times$ компоненты $\times$ воспроизводство» обеспечивает баланс генетического прогресса и экономического результата [13].

На этом фоне особую актуальность приобретают популяционные методы анализа признаков с непрерывной изменчивостью: они позволяют объективно описывать состояние стада, фиксировать тренды селекционного процесса и оценивать влияние факторов разного уровня — от генотипа производителя до условий содержания. Корреляционный и дисперсионный анализы в сочетании с BLUP/геномными оценками дают возможность одновременно видеть «картину целиком» и принимать точечные решения — от подбора быков до настройки менеджмента воспроизводства и здоровья вымени.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Исследование выполнено на производственной базе ООО «Племенной завод «Бугры» (Ленинградская область) и охватывает популяцию голштинского скота: 8333 коров. Основу данных составили цифровые записи систем «Селэкс. Молочный скот» и программ управления стадом, откуда были выгружены первичные фенотипические ряды по продуктивности и воспроизводству с привязкой к идентификаторам животных и отцам. В анализ включались признаки с непрерывной изменчивостью, определяющие экономику молочного производства: удой (кг) за стандартный период, массовые доли жира и белка (%), выход компонентов — молочный жир и молочный белок (кг), репродуктивные индикаторы — сервис-период (дни) и кратность осеменения (число осеменений); при наличии показателя соматических клеток он рассматривался дополнительно на логарифмической шкале, поскольку логарифмирование сглаживает правостороннюю асимметрию и делает сравнения корректнее. Работа с данными начиналась с контроля качества: согласование единиц, проверка диапазонов, устранение технических дублей, фиксация долей пропусков по каждому полю. Для диагностики экстремальных наблюдений применялись правила «усов» ($1,5 \times \text{IQR}$) и порог $|Z| > 3$; чувствительность оценок проверялась повторными расчетами после мягкой винсоризации крайних значений. Далее рассчитывалась описательная статистика — объем выборки, среднее и стандартное отклонение, коэффициент вариации,

медиана и квартильный размах, показатели асимметрии и эксцесса. Межпризнаковые связи оценивались попарно: при близкой к нормальной форме — корреляцией Пирсона, при выраженной ненормальности — ранговой корреляцией Спирмена; совокупная картина представлялась тепловой картой с двусторонними r -значениями и контролем ложного открытия по Benjamini–Hochberg. Ключевую часть работы составляла постгеномная оценка селекционно-генетических параметров: изменчивости (через коэффициент вариации), корреляций между признаками и наследуемости. Целью такого подхода являлась строгая постгеномная оценка параметров селекции по непрерывным признакам в родственных группах голштинской популяции хозяйства, с выводом практических индикаторов для подбора производителей и управления стадом.

Цель исследования. Пост геномная оценка селекционно-генетических параметров (С-изменчивости, r -корреляции, h^2 - наследуемости) по показателям с непрерывной изменчивостью в родственных группах популяций голштинских коров Ленинградской области ООО «Племенной завод «Бугры».

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Наблюдаемая матрица данных характеризуется высокой полнотой: по ключевым продуктивным и возрастным признакам сформировано до 8 333 наблюдений, для соматических клеток — 6 134 записей; заметные лакуны сосредоточены в показателе SCC (количество соматических клеток в молоке) (около 26,4%), тогда как по остальным переменным доля пропусков не превышает 2%. Описательная статистика подтверждает ожидаемую структуру фенотипа: удой за 305 дней имеет медиану 9 820 кг при межквартильном интервале 8 549–10 944 кг и умеренной относительной дисперсии ($CV \approx 18\%$); массовые доли жира и белка стабильны (3,60% [3,46–3,75] и 3,25% [3,13–3,39] соответственно; $CV \approx 6,9\%$ и 5,5%), тогда как выход компонентов в килограммах варьирует шире (жир 351,5 кг [310,1–390,1], $CV \approx 17,8\%$; белок 321,8 кг [270,8–366,0], $CV \approx 20,7\%$). Репродуктивный блок представлен большим размахом изменчивости: сервис-период медианный 114 дней [75–187] при $CV \approx 66,9\%$, а распределение соматических клеток выражено следующим образом (137×10^3 [77–300 $\times 10^3$], $CV \approx 138\%$). Возрастные метрики укладываются в производственные нормативы: пер-

вое осеменение — 14 месяцев [13–16], первое плодотворное осеменение — 15 месяцев [13–17], возраст отёла — 732 дня [682–786].

Картина межпризнаковых связей закономерна и технологически содержательна. Самые сильные положительные корреляции Спирмена наблюдаются между удоём и выходом компонентов: $r \approx 0,965$ для пары «удой — белок, кг», $r \approx 0,911$ для «удой — жир, кг», а также $r \approx 0,890$ между самим «жиром, кг» и «белком, кг», то есть рост объёма молока почти линейно «тянет» за собой килограммы жира и белка. На стыке продуктивности и воспроизводства проявляются умеренные отрицательные связи: более раннее первое осеменение ассоциировано с более высокими удоём и выходом компонентов ($r \approx -0,40$ с удоём; $-0,47$ и $-0,35$ с белком и жиром в килограммах; с массовой долей белка $r \approx -0,48$), что отражает совместное влияние биологической зрелости и менеджмента. Соматические клетки на популяционном уровне коррелируют со знаками и величинами, близкими к слабым ($|r| \leq 0,28$), а наибольшее по модулю значение фиксируется со % белка ($r \approx +0,28$), что указывает на неоднородность эффектов субклинического мастита и возможное экранирование управленческими факторами.

ВЫВОДЫ

Обсуждение этих результатов в логике селекционно-племенной работы приводит к нескольким выводам. Во-первых, низкие коэффициенты

вариации у массовых долей жира и белка (5–7%) — признак «отполированной» селекцией и кормлением структуры, тогда как объёмные показатели закономерно чувствительнее к генетике, стадии лактации и микроменеджменту (CV порядка 18–21%). Во-вторых, отрицательные корреляции между возрастом первого осеменения и продуктивностью подтверждают производственную практику: ускорение половой зрелости и грамотный репродуктивный менеджмент транслируются в более высокий объём и «компонентность» молока, хотя умеренная сила связей подчеркивает многокритериальную природу фенотипа и необходимость комплексных решений. В-третьих, слабая ассоциация SCC с продуктивностью в сечении всей популяции подсказывает осторожность в причинных выводах: требуются стратификации по лактации и хозяйству. Наконец, качество данных остаётся ограничивающим звеном: крупные пропуски в данных снижают точность поправок и качество проводимого анализа. В практическом измерении это означает, что при ранжировании животных целесообразно опираться на компоненты в килограммах как на более «экономичные» и стабильные индикаторы, одновременно выстраивая отдельный контур управления репродукцией и здоровьем вымени. Такой подход одновременно сохраняет чувствительность к селекционному сигналу и поддерживает управляемость производственных решений.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Бугров П.С., Иванов Н.В., Абылкасымов Д., Сударев Н.П. Молочная продуктивность и воспроизводительная способность высокопродуктивных коров в зависимости от наследственных факторов. Молочное и мясное скотоводство. 2016;8:27–30.
2. Герасимова А.С., Татуева О.В., Прищеп Е.А., Летунова Д.В. Молочная продуктивность коров бурой швицкой породы и результаты её реализации в условиях Смоленской области. Международный вестник ветеринарии. 2020;4: 87–93.
3. Жигачев А.И., Безручко А.В. Генетический потенциал быков, используемых в АОЗТ «Котельское». Труды СПГАВМ; 2003:40–42.
4. Жебровский Л.С. Изменчивость и наследуемость содержания белка в молоке коров. Труды XIII Международного конгресса по молочному делу. Мельбурн; 1970:с 484.
5. Каналина Н.М. Молочная продуктивность коров татарского типа в зависимости от линейной принадлежности. Учёные записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. Казань. 2013;Т. 215:156–160.
6. Кудрин А.Г. Наследуемость ферментов сыворотки крови у высокопродуктивного молочного скота. Наука животноводству: сб. науч. тр. ВГМСХА. Вологда–Молочное; 2000: 44–46.
7. Свяженина М.А. Некоторые селекционно-генетические показатели черно-пестрого скота. Аграрный вестник Урала. 2012;6:46–48.
8. Татаркина Н.И., Свяженина М.А., Лосева Н.А. Использование продуктивного потенциала голштинской породы. Аграрный вестник Урала. 2012;5(97): 58–60.
9. Уколов П.И., Шараськина О.Г. Разведение и биотехника размножения сельскохозяйственных животных. СПб.: Квадро;2018: 96–110.
10. Уколов П.И., Шараськина О.Г. Ветеринарная генетика. 2-е изд. СПб.: Лань; 2022: 23–25.
11. Переверзев Д.Б., Дунин И.М., Козанков А.Г., Мещеров Р.К., Высоцкая В.М. Основы повышения эффекта селекции при разведении холмогорского скота: методические рекомендации. М.: ГНУ ВНИИ плем.; 2000:19–25.
12. Лепёхина Т.В., Юрочка С.С., Хакимов А.Р. и др. Цифровизация в селекции как инструмент прогнозирования продуктивности в молочном скотоводстве. Зоотехния. 2023;12: 10–13.
13. Мишулов Н.П., Кондратьева О.В., Гольяпин В.Я. и др. Организационные основы построения многоуровневой информационно-вычислительной системы по селекционно-племенной работе: аналитический обзор. М.: Росинформагротех; 2022: 224 с.
14. Исупова Ю.В., Гимазитдинова Е.А., Азимова Г.В., Мартынова Е.Н. Эффективность геномного анализа племенной ценности голштинских быков-производителей в сравнении с оценкой по качеству потомства. Молочное и мясное скотоводство. 2022;1:с. 7.

15. Butler M. L., Bormann J. M., Weaber R. L., Grieger D. M., Rolf M. M. Selection for bull fertility: a review. *Translational Animal Science*. 2019;4(1): 423–441.

REFERENCES

1. Bugrov P.S., Ivanov N.V., Abylkasymov D., Sudarev N.P. Milk productivity and reproductive capacity of highly productive cows depending on hereditary factors. *Dairy and beef cattle breeding*. 2016; 8: 27–30.
2. Gerasimova A.S., Tatueva O.V., Prishchep E.A., Letunova D.V. Milk productivity of Brown Swiss cows and the results of its implementation in the Smolensk region. *International Veterinary Bulletin*. 2020; 4: 87–93.
3. Zhigachev A.I., Bezruchko A.V. Genetic potential of bulls used in AOZT "Kotelskoye". *Proceedings of the St. Petersburg State Academy of Veterinary Medicine*; 2003: 40–42.
4. Zhebrovsky L.S. Variability and heritability of protein content in cows' milk. *Proceedings of the XIII International Dairy Congress*. Melbourne; 1970: p. 484.
5. Kanalina N.M. Milk productivity of Tatar-type cows depending on their lineage. *Scientific Notes of the Kazan State Academy of Veterinary Medicine named after N.E. Bauman*. Kazan. 2013; Vol. 215: 156–160.
6. Kudrin A.G. Heritability of serum enzymes in high-yielding dairy cattle. *Animal husbandry science: collected papers of the VSMAH. Vologda-Molochnoye*; 2000: 44–46.
7. Svyazhenina M.A. Some selection and genetic indicators of Black-and-White cattle. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2012; 6: 46–48. Tatarina N.I., Svyazhenina M.A., Loseva N.A. Using the Productive Potential of the Holstein Breed. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2012;5(97): 58–60.
8. Ukolov P.I., Sharaskina O.G. *Breeding and Biotechnics of Reproduction of Farm Animals*. St. Petersburg: Quadro; 2018: 96–110.
9. Ukolov P.I., Sharaskina O.G. *Veterinary Genetics*. 2nd ed. St. Petersburg: Lan; 2022: 23–25.
10. Pereverzev D.B., Dunin I.M., Kozankov A.G., Meshcherev R.K., Vysotskaya V.M. *Fundamentals of Increasing the Selection Effect in Breeding Kholmogory Cattle: Methodological Recommendations*. Moscow: GNU VNII Breeding Research Institute; 2000:19–25.
11. Lepekhina T.V., Yurochka S.S., Khakimov A.R., et al. Digitalization in breeding as a tool for predicting productivity in dairy cattle farming. *Zootechnics*. 2023;12: 10–13.
12. Mishurov N.P., Kondratieva O.V., Goltiaipin V.Ya., et al. Organizational foundations for constructing a multi-level information and computing system for breeding and selection work: an analytical review. Moscow: Rosinformagrotech; 2022: 224 p.
13. Isupova Yu.V., Gimazitdinova E.A., Azimova G.V., Martynova E.N. Efficiency of genomic analysis of the breeding value of Holstein sires in comparison with assessment based on the quality of offspring. *Dairy and Beef Cattle Farming*. 2022;1:c. 7.
14. Butler M. L., Bormann J. M., Weaber R. L., Grieger D. M., Rolf M. M. Selection for bull fertility: a review. *Translational Animal Science*. 2019;4(1): 423–441.

Поступила в редакцию / Received: 08.09.2025

Поступила после рецензирования / Revised: 25.09.2025

Принята к публикации / Accepted: 30.09.2025

По заявкам ветспециалистов, граждан, юридических лиц проводим консультации, семинары по организационно-правовым вопросам, касающихся содержательного и текстуального анализа нормативных правовых актов по ветеринарии, практики их использования в отношении планирования, организации, проведения, ветеринарных мероприятий при заразных и незаразных болезнях животных и птиц. Консультации и семинары могут быть проведены на базе Санкт-Петербургского университета ветеринарной медицины или с выездом специалистов в любой субъект России.

**Тел/факс (812) 365-69-35, Моб. тел.: 8(911) 913-85-49,
e-mail: 3656935@gmail.com**