

УДК: 636.082.2/636.2.034

Научная статья

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-384-7-69-73

Е.А. Романова ✉

О.В. Тулинова

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального исследовательского центра животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

✉ [splicing86@gmail.com](mailto:splicing86@gmail.com)

Поступила в редакцию:  
15.03.2024

Одобрена после рецензирования:  
02.06.2024

Принята к публикации:  
17.06.2024

Research article

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-384-7-69-73

Elena A. Romanova ✉

Olga V. Tulinova

All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals — branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Pushkin, St. Petersburg, Russia

✉ [splicing86@gmail.com](mailto:splicing86@gmail.com)

Received by the editorial office:  
15.03.2024

Accepted in revised:  
02.06.2024

Accepted for publication:  
17.06.2024

## Конструирование прогнозного индекса для получения новых высокоценных генотипов коров

### РЕЗЮМЕ

Цель данного исследования — разработка прогнозного индекса *APIIndex* для животных отечественной айрширской популяции молочного скота с использованием генетико-математической модели. В обработку вошли фенотипические данные 65753 коров из 34 племенных хозяйств 8 регионов РФ. Согласно базовой модели индекса  $I_{AYR}$ , разработанного в предыдущих исследованиях, проведена оценка пробанда  $AI_{AYR}$  и родителей:  $SI_{AYR}$  — для быков-отцов,  $DI_{AYR}$  — для матерей коров с использованием собственных оценок племенной ценности EBV методом BLUP AM. С помощью однофакторного дисперсионного анализа ANOVA установлены значимые влияния факторов индексной оценки отцов и матерей на зависимую переменную величины индекса пробанда, которые составили 20,9% и 17,7%. В результате вычисления силы влияния и коэффициентов регрессии разработан прогнозный индекс для пробанда, позволяющий оценить потомство еще до получения его фенотипических данных. Подтверждением качества разработанной модели прогнозного индекса послужили высокие достоверные коэффициенты корреляции с  $AI_{AYR}$  ( $r = 0,807, p \leq 0,001$ ),  $SI_{AYR}$  ( $r = 0,889, p \leq 0,001$ ) и  $DI_{AYR}$  ( $r = 0,515, p \leq 0,001$ ). Таким образом, сконструированный индекс *APIIndex* может быть использован в качестве инструмента прогнозирования индексной оценки животных для получения новых высокоценных генотипов и элиминации нежелательных особей с помощью выявленных отрицательных оценок.

**Ключевые слова:** индексная оценка, сила влияния, айрширская порода, коэффициент корреляции, коэффициент регрессии, ANOVA, BLUP

**Для цитирования:** Романова Е.А., Тулинова О.В. Конструирование прогнозного индекса для получения новых высокоценных генотипов коров. *Аграрная наука*. 2024; 384(7): 69–73.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-384-7-69-73>

© Романова Е.А., Тулинова О.В.

## Construction of a predictive index to create new high-value genotypes of cows

### ABSTRACT

The purpose of this study is to develop a predictive index *APIIndex* for animals of the domestic Ayrshire dairy cattle population using a genetic and mathematical model.

The processing included phenotypic data of 65,753 cows from 34 breeding farms in 8 regions of the Russian Federation. According to the basic model of the  $I_{AYR}$  index, developed in our previous studies, the proband  $AI_{AYR}$  and parents were assessed:  $SI_{AYR}$  — for fathers of bulls,  $DI_{AYR}$  — for mothers of cows using our own estimates of the breeding value EBV using the BLUP AM method. Using one-way analysis of variance ANOVA, significant influences of the index assessment factors of fathers and mothers on the dependent variable of the proband index value were established, which amounted to 20.9% and 17.7%. As a result of calculating the strength of influence and regression coefficients, a predictive index for the proband was developed, which allows one to evaluate the offspring even before obtaining their phenotypic data. The quality of the developed predictive index model was confirmed by high reliable correlation coefficients with  $AI_{AYR}$  ( $r = 0.807, p \leq 0.001$ ),  $SI_{AYR}$  ( $r = 0.889, p \leq 0.001$ ) and  $DI_{AYR}$  ( $r = 0.515, p \leq 0.001$ ). Thus, the constructed index *APIIndex* can be used as a tool for predicting the index assessment of animals and obtaining new highly valuable genotypes and eliminate unwanted individuals using identified negative scores.

**Key words:** index score, strength of influence, Ayrshire breed, correlation coefficient, regression coefficient, ANOVA, BLUP

**For citation:** Romanova E.A., Tulinova O.V. Construction of a predictive index to create new high-value genotypes of cows. *Agrarian science*. 2024; 384(7): 69–73 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-384-7-69-73>

© Romanova E.A., Tulinova O.V.

## Введение/Introduction

На современном этапе развития племенного животноводства и достижений сельскохозяйственной науки вопросы совершенствования процесса планирования и прогнозирования уровня племенной ценности новых генотипов в молочном скотоводстве приобретают первостепенное значение. Учеными селекционерами проводятся исследования по совершенствованию традиционных методов оценки по родословной, собственной продуктивности и качеству потомства (А.С. Ермишин (2022 г.), Е.Е. Мельникова (2017 г.), Н.С. Фураева (2017 г.), Н.Р. Рахматулина (2010 г.) и др.).

Геномное прогнозирование, способное обеспечить двукратный генетический прирост по основным хозяйственно полезным признакам у молочного крупного рогатого скота, а также индексная оценка генетической ценности широко признаны в развитых животноводческих странах [1–5]. Оценка племенной ценности с применением BLUP-процедуры основана на принципе максимизации взаимосвязи между оценками производителей по рассматриваемым признакам и объединяет аддитивную матрицу генетических отношений на основе родословной, что позволяет привлекать фенотипическую информацию обо всех родственниках для прогнозирования племенной ценности [6].

Оценка племенной ценности при помощи линейных моделей является мировым стандартом и представляет собой необходимый минимум для селекционной работы при выборе животных для дальнейшей селекции [1, 2, 7].

При совершенствовании племенных стад молочного и молочно-мясного скота для ускорения селекционного процесса наиболее оптимальным методом является отбор животных по селекционным индексам [8]. Основа индексной оценки животных — это модель, на основании которой генетическая ценность выражается отклонением величины развития признака оцениваемого животного от среднего его значения по популяции [9]. С помощью множественного регрессионного анализа можно вывести оптимальные весовые соотношения для разных признаков продуктивности и на основе селекционного индекса отбирать для дальнейшего использования только таких животных, у которых величина суммарного генотипа имеет максимальное значение [10].

Методы оценки племенной ценности коров с использованием селекционных индексов уместно применять для определения генетической дискретности линий, пород и уровня их консолидации по основным хозяйственно полезным признакам [11]. Это обеспечивает повышение точности оценки племенной ценности поголовья, что в сочетании с высокой интенсивностью отбора способствует ускорению темпов генетического прогресса в стадах и популяциях сельскохозяйственных животных [12].

При использовании данного метода селекция ведется путем одновременной оценки и улучшения всех признаков, характеризующих племенное животное [13]. Индекс племенной ценности включает многие факторы, которыми могут быть хозяйственная или экономическая ценность признака, его наследуемость и корреляция с другими признаками как пробанда, так и его родственников.

Цель любой действующей программы разведения — повышение эффективности породы для ее дальнейшего совершенствования. При этом исследование экономических и животноводческих процессов включает в себя не только сбор и обработку информации, но и серьезный анализ с целью выявления тенденций, закономерностей и особенностей. Для этого используется широкий

арсенал статистических методов анализа, в том числе дисперсионный и регрессионный методы исследования, основанные на использовании показателей вариации индивидуальных значений изучаемого признака у отдельных составных элементов совокупности [14].

Наряду с вышесказанным рациональное использование ресурсов скота и совершенствование его продуктивных качеств зависят от организации племенной работы со стадом. Селекция осуществляется в процессе смены поколений животных. Чем быстрее происходит эта смена, тем интенсивнее идет селекционный процесс при условии, что каждое новое поколение животных превосходит исходное поголовье по генетическим данным [15, 16]. Цель данного исследования — разработка прогнозного индекса для животных отечественной айрширской популяции молочного скота с использованием генетико-математической модели.

## Материалы и методы исследования / Materials and methods

Объектом исследования послужили дочери ( $n = 65\ 753$ ) 1247 быков-производителей айрширской породы из 34 племенных хозяйств 8 регионов РФ (Вологодская, Ленинградская и Кировская области, Республика Коми, Республика Карелия, Центральный ФО, Сибирский ФО, Южный ФО) на основе информационно-аналитической системы «Селэкс» («ООО «РЦ Плинор»», Россия) которых сформирован массив данных по молочной продуктивности и воспроизводительным качествам животных с датой первого отела с 2002 по 2020 г.

Формирование, проверка, обобщение первичных результатов фенотипических данных и элиминация дублированных одних и тех же производителей с разными индивидуальными номерами проведены в программах Microsoft Office Excel (США) и RStudio (Posit Software, PBC, США).

С использованием итеративной схемы ReML (Restricted Maximum Likelihood Estimation), где параметры ковариации максимизируют логарифмическое правдоподобие, оценивали ковариационные компоненты в модуле RENUMF90 без преобразования включенных в них эффектов. Используя матрицы генетического родства, рассчитаны оценки племенной ценности первотелок EBV (Estimation Breeding Value) с помощью программы семейства BLUPF90 (Misztal I. *et al.*, США).

Описательные статистические параметры (среднее арифметическое, ошибка, стандартное отклонение) вычислялись при помощи пакета «Анализ данных» в среде MS Excel 2013 (США). Односторонняя стохастическая зависимость рассчитана с помощью модели парной регрессии, которая имела вид:

$$y_j = \alpha + \beta x_j + \varepsilon_j, \quad (1)$$

где:  $y_j$  — значение индекса  $AI_{AYR}$ ;  $\alpha$  — постоянная величина (или свободный член уравнения, константа);  $\beta$  — коэффициент регрессии, определяющий наклон линии, вдоль которой рассеяны данные наблюдений  $y_j$  и  $x_j$ ;  $x_j$  — значение индексов  $SI_{AYR}$  и  $DI_{AYR}$ ;  $\varepsilon_j$  — случайный член (ошибки) или влияние на переменную  $y_j$  всех неучтенных в модели факторов.

Оценка влияния генетических и средовых факторов производилась при помощи математической модели смешанного типа, составленной в рамках методологии BLUP Animal Model. Расчеты осуществлялись в программах семейства BLUPF90.

Модель оценки признаков молочной продуктивности и показателей развития имела следующий вид:

$$Y_{ijk} = \mu + HYS_i + b_1 AFC_k + b_2 DO_k + Animal_k + e_{ijk}, \quad (2)$$

где:  $Y_{ijk}$  — результирующий показатель (удой, процентное содержание жира и белка, количество молочного жира и белка, живая масса в 10 мес., при первом осеменении и после первого отела)  $k$ -й первотелки, дочери  $j$ -го быка, лактировавшей в  $i$ -й градации «стадо — год—сезон»;  $\mu$  — популяционная константа;  $HYS_i$  — фиксированный фактор  $i$ -й градации «стадо — год—сезон»;  $b_1$  — коэффициент линейной регрессии результирующего фактора на возраст первого отела;  $AFC_k$  — возраст 1-го отела  $k$ -й коровы (мес.);  $b_2$  — коэффициент квадратичной регрессии результирующего фактора на сервис-период;  $DO_k$  — продолжительность сервис-периода  $k$ -й коровы (в днях);  $Animal_k$  — рандомизированный эффект животного;  $e_{ijk}$  — остаточный эффект модели, связанный с влиянием факторов, неучтенных в уравнении оценки.

Оценка воспроизводительных качеств коров проводилась с использованием следующей модели BLUP AM:

$$Y_{ijk} = \mu + HYS_i + bL_k + Animal_k + e_{ijk}, \quad (3)$$

где:  $Y_{ijk}$  — результирующий показатель (возраст первого отела, сервис-период, межотельный период, индекс плодовитости)  $k$ -й первотелки, дочери  $j$ -го быка, лактировавшей в  $i$ -й градации «стадо — год — сезон»;  $\mu$  — популяционная константа;  $HYS_i$  — фиксированный фактор  $i$ -й градации «стадо — год — сезон»;  $b_1$  — коэффициент линейной регрессии результирующего фактора на количество лактации;  $L_k$  — количество лактации  $k$ -й коровы;  $Animal_k$  — рандомизированный эффект животного;  $e_{ijk}$  — остаточный эффект модели.

Точность прогноза или надежность оценки животного (reliability, REL) рассчитывали по формуле:

$$REL = 1 - \frac{PEV_i}{\sigma_a^2}, \quad (4)$$

где: PEV (Prediction Error Variance) — прогнозируемая ошибка дисперсии или доля аддитивной генетической вариации, не учитываемая прогнозом;  $\sigma_a^2$  — аддитивная генетическая вариация.

Полученные паратипические и генотипические данные применялись для вычисления индекса  $I_{AYR}$ , разработанного ранее [17] для популяции айрширского скота РФ:

$$I_{AYR} = 8,59 \times EBV_{MY} + 7,19 \times EBV_{FAT} + 21,28 \times EBV_{PROT} + 0,10 \times EBV_{W10} + 0,10 \times EBV_{FI}, \quad (5)$$

где:  $I_{AYR}$  — общепопуляционный полифакторный индекс для айрширского скота; EBV (Estimation Breeding Value) — индивидуальная оценка животного по признакам: MY (Milk yield) — удой за 305 дней, кг; FAT — выход жира, кг; PROT — выход белка, кг;  $W_{10}$  — живая масса в 10 мес., кг; FI — индекс плодовитости.

Согласно базовой модели индекса  $I_{AYR}$ , проведено на оценку пробанда  $AI_{AYR}$  и родителей (для отцов —  $SI_{AYR}$ ; матерей коров —  $DJ_{AYR}$ ) с использованием собственных оценок EBV методом BLUP AM. Построение

статистических группировок при формировании селекционных групп с применением индекса  $SI_{AYR}$  проведено с помощью стандартных процедур нормального распределения.

Согласно вероятности нормального распределения и среднеквадратического отклонения индекса  $SI_{AYR}$  с округлением значения до целого числа принята разбивка на группы:  $SI_{AYR} > 4000$  ( $n = 14\,619$ );  $0 \leq SI_{AYR} \leq 4000$  ( $n = 31\,318$ ) и  $SI_{AYR} < 0$  ( $n = 19\,816$ ).

### Результаты и обсуждение / Results and discussion

Проведено моделирование прогноза индексной оценки пробанда при заданных значениях. Методом однофакторного дисперсионного анализа (Analysis of Variance, ANOVA) установлено влияние факторов индексной оценки отцов и матерей на зависимую переменную величины индекса пробанда, которые составили 20,9% и 17,7% (табл. 1), при  $p$ -value = 1,35407E-05 и  $p$ -value = 1,75981E-05, что дает основание отвергать нулевую гипотезу ( $H_0$ ) и подтверждает статистическую значимость между средними значениями групп.

Еще одним подтверждением достоверности рассчитанного влияния является статистика F-теста. В обоих случаях у факторов  $SI_{AYR}$  и  $DJ_{AYR}$   $F > F_{crit}$ , полученные величины попадают в зону значимости, соответственно, в терминах статистических гипотез можно утверждать, что гипотеза  $H_0$  не принимается.

Таблица 1. Сила влияния индексной оценки отцов  $SI_{AYR}$  и матерей  $DJ_{AYR}$  коров на прогноз индексной оценки пробанда

Table 1. The strength of influence of the father's  $SI_{AYR}$  and mother's  $DJ_{AYR}$  indices on the proband's index

ANOVA	SS	df	MS	F	P-value	F crit	$\eta^2$
$SI_{AYR}$	1,87E+08	255	2280319,83	3,57	1,35407E-05	1,71	20,9
$DJ_{AYR}$	2,63E+08	255	3161860,04	3,52	1,75981E-05	1,71	17,7

С помощью метода наименьших квадратов регрессионного анализа переменных предикторов  $SI_{AYR}$  и  $DJ_{AYR}$  на переменную отклика  $AI_{AYR}$  установлена величина среднего увеличения переменной  $AI_{AYR}$  на каждую единицу увеличения данных переменных-предикторов при условии, что все остальные переменные остаются постоянными.

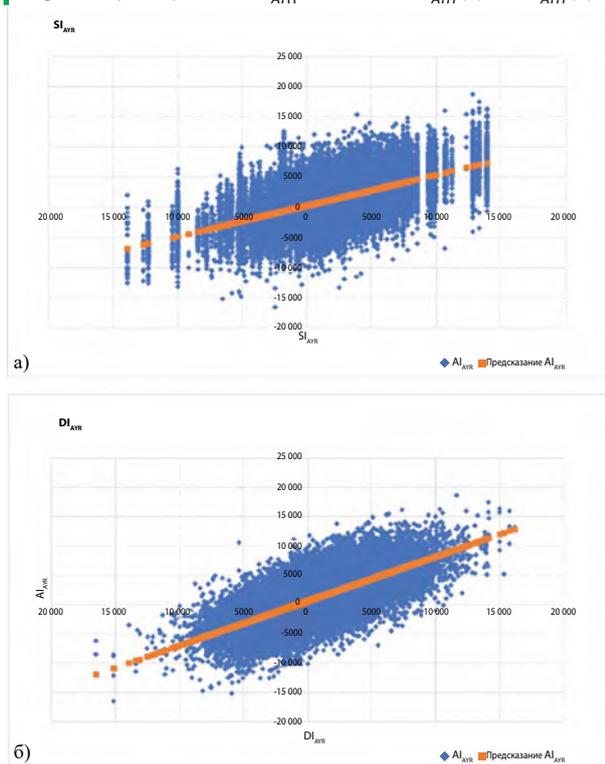
В парной регрессии анализировалась зависимость между зависимой переменной  $AI_{AYR}$  (случайная величина) и объясняющими переменными  $SI_{AYR}$  и  $DJ_{AYR}$  (неслучайные детерминированные величины).

Результат вычисления уравнения для каждого из параметров регрессии представлен в виде графиков предсказанных значений (рис. 1). По оси X отображаются прогнозируемые значения модели, а по оси Y — фактические значения из набора данных. Диагональная линия в середине графика — предполагаемая линия регрессии.

Поскольку каждая из точек данных находится вдоль оценочной линии регрессии, экстраполируя всю совокупность, модель регрессии является рабочей. При тестировании нулевой гипотезы при уровне значимости 5% гипотеза  $H_0$  отклоняется, так как 95%-ный доверительный интервал для константы  $DJ_{AYR}$ , равной 620,74–601,72, 639,77 и  $SI_{AYR}$  278,34 (256,50, 300,18), лежит внутри доверительного интервала, из чего следует вывод, что константы значимы.

**Рис. 1.** Графики зависимости предсказанных значений  $AI_{AYR}$  от  $SI_{AYR}$  (а) и  $DI_{AYR}$  (б)

**Fig. 1.** Graphs of predicted  $AI_{AYR}$  values versus  $SI_{AYR}$  (a) and  $DI_{AYR}$  (b)



**Таблица 2.** Коэффициенты корреляции с прогнозным индексом ( $APIndex$ )

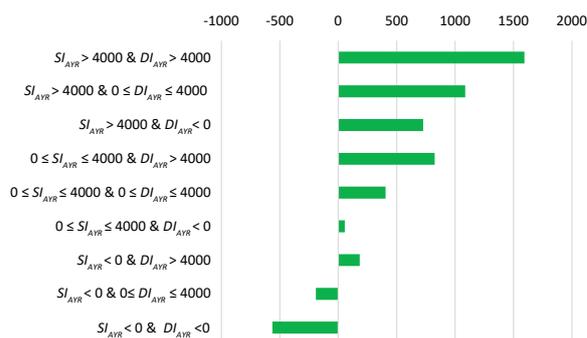
**Table 2.** Correlation coefficients with the Animal Predict Index ( $APIndex$ )

Группа	$APIndex$	$r APIndex$		
		$AI_{AYR}$	$SI_{AYR}$	$DI_{AYR}$
$I_{AYR}$	$268,8 \pm 2,4$	0,807***	0,889***	0,515***
$SI_{AYR} > 4000$	$1014,7 \pm 3,9$	0,784***	0,767***	0,693***
$0 \leq SI_{AYR} \leq 4000$	$295,6 \pm 1,8$	0,763***	0,511***	0,872***
$SI_{AYR} < 0$	$-323,7 \pm 2,9$	0,735***	0,742***	0,684***

Примечание: \*\*\*\*  $p \leq 0,001$ .

**Рис. 2.** Динамика оценок  $APIndex$  в разных группах подбора

**Fig. 2.** Dynamics of  $APIndex$  ratings in different selection groups



Оцененные коэффициенты регрессии, включая константу, статистически значимы на 5%-ном уровне и имеют ожидаемые, логически оправданные знаки, а также  $p$ -значения всех коэффициентов меньше заданного уровня значимости. Графики остатков и нормального распределения подтверждают значимость уравнения регрессии, из чего следует вывод о правильности подобранной модели.

На основании вычисленных коэффициентов детерминации факторов  $SI_{AYR}$  и  $DI_{AYR}$  на индекс  $AI_{AYR}$ , а также их коэффициентов регрессии разработан прогнозный индекс для пробанда, позволяющий оценить потомство еще до получения его фенотипических данных:

$$APIndex = R_{sire} \times SI_{AYR} \times \eta_{sire}^2 + R_{dam} \times DI_{AYR} \times \eta_{dam}^2$$

где:  $APIndex$  (Animal Predict Index) — прогнозный индекс пробанда;  $R_{sire}$  — коэффициент регрессии индекса  $SI_{AYR}$  на  $AI_{AYR}$ ;  $SI_{AYR}$  — индекс  $I_{AYR}$  быка-отца;  $\eta_{sire}^2$  — сила влияния  $SI_{AYR}$  на  $AI_{AYR}$ ;  $R_{dam}$  — коэффициент регрессии индекса  $DI_{AYR}$  на  $AI_{AYR}$ ;  $DI_{AYR}$  — индекс  $I_{AYR}$  матери;  $\eta_{dam}^2$  — сила влияния  $DI_{AYR}$  на  $AI_{AYR}$ .

Высокие достоверные коэффициенты корреляции прогнозного индекса  $APIndex$  с общепопуляционным индексом пробанда  $AI_{AYR}$  ( $r = 0,807, p \leq 0,001$ ), а также индексами  $SI_{AYR}$  ( $r = 0,889, p \leq 0,001$ ) и  $DI_{AYR}$  ( $r = 0,515, p \leq 0,001$ ) подтверждают качество разработанной модели (табл. 2). При выявлении связей с разбивкой на группы  $SI_{AYR}$  индекс  $APIndex$  высоко коррелировал с индексом пробанда  $AI_{AYR}$  от 0,735 до 0,784 при  $p \leq 0,001$ . В группе  $0 \leq SI_{AYR} \leq 4000$  отмечена довольно высокая положительная корреляция с  $DI_{AYR}$   $r = 0,872$  ( $p \leq 0,001$ ), при этом связь с  $SI_{AYR}$  составила 0,511 ( $p \leq 0,001$ ).

Установлено пропорциональное изменение оценки  $APIndex$  с учетом групп отбора  $SI_{AYR}$  и  $DI_{AYR}$  (рис. 2).

Лучшие оценки +1593 по индексу  $APIndex$  отмечены при сочетании групп  $SI_{AYR} > 4000$  и  $DI_{AYR} > 4000$ , и при снижении оценок родителей уменьшалась прогнозная оценка пробанда до -563 в комплексе групп  $SI_{AYR} < 0$  и  $DI_{AYR} < 0$ .

Отмечено, что в сочетании групп  $SI_{AYR} > 4000$  и  $DI_{AYR} > 4000$ ,  $SI_{AYR} > 4000$  и  $0 \leq DI_{AYR} \leq 4000$ ,  $0 \leq SI_{AYR} \leq 4000$  и  $DI_{AYR} > 4000$ ,  $0 \leq SI_{AYR} \leq 4000$  и  $0 \leq DI_{AYR} \leq 4000$  индекс пробанда  $APIndex$  имел 100% положительные оценки ( $APIndex > 0$ ). Генезис отрицательных оценок  $APIndex < 0$  возникал в группе  $SI_{AYR} > 4000$  и  $DI_{AYR} < 0$ , процент которых составил 0,5, и далее постепенно увеличивался в группах  $SI_{AYR} < 0$  при сочетании с  $DI_{AYR} > 4000$  от 24%, с  $0 \leq DI_{AYR} \leq 4000$  — 72% и достигал 100% отрицательных значений  $APIndex$  при сочетании с группой  $DI_{AYR} < 0$  или 14% от общей выборки исследуемых особей. При этом процент отрицательных оценок прогнозного индекса  $APIndex$  в целом по исследуемой выборке составил 32, что позволяет избежать в процессе отбора использование нежелательных особей для дальнейшего разведения.

### Выводы/Conclusions

В результате проведенных исследований установлено, что сконструированный индекс  $APIndex$  может быть использован в качестве инструмента прогнозирования индексной оценки пробанда в алгоритме подбора родительских пар, а элиминация нежелательных особей детерминирована с помощью отрицательных оценок прогнозного индекса, доля которых в целом по исследуемой выборке составила 32%.

Особое внимание следует обратить на сочетание родительских пар из групп  $SI_{AYR} < 0$  и  $DI_{AYR} < 0$ , процент которых от общей выборки исследуемых животных составил 14 из-за абсолютно негативных оценок по прогнозному индексу, исключив их из программы подбора.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

## ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследования проведены в рамках выполнения научных исследований Министерства науки и высшего образования РФ по теме № 124020200029-4. В исследованиях использованы материалы Селекционного центра по айрширской породе (Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста»).

## БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Legarra A., González-Diéguez D., Vitezica Z.G. Computing strategies for multi-population genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution*. 2022; 54: 10. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00705-x>
- Misztal I., Aguilar I., Lourenco D., Ma L., Steibel J.P., Toro M. Emerging issues in genomic selection. *Journal of Animal Science*. 2021; 99(6): skab092. <https://doi.org/10.1093/jas/skab092>
- Mei Q., Liu H., Zhao S., Xiang T., Christensen O.F. Genomic evaluation for two-way crossbred performance in cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2023; 55: 17. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00792-4>
- Селионова М.И., Евстафьева Л.В., Коновалова Е.Н., Белая Е.В. Маркер-ассоциированная и геномная селекция мясного скота. *Тимирязевский биологический журнал*. 2023; 2: 37–48. <https://doi.org/10.26897/2949-4710-2023-2-37-48>
- Стопловский Ю.А., Свищева Г.Р., Пискунов А.К. Геномная селекция. II. Перспективные направления. *Генетика*. 2020; 56(10): 1107–1114. <https://doi.org/10.31857/S0016675820100124>
- Калашников А.Е., Голубков А.И., Щегольков Н.Ф., Гостева Е.Р. Проблемы и вопросы при прогнозировании генетической племенной ценности сельскохозяйственных животных. *Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет)*. 2022; 4: 77–96. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2022-65-4-77-96>
- Дунин И.М., Суслина Е.Н., Григорян Л.Н., Тяпугин Е.Е., Дунин М.И., Аджибеков В.К. Отечественное животноводство на пороге третьего десятилетия XXI века. *Зоотехния*. 2021; 1: 7–10. <https://doi.org/10.25708/ZT.2020.43.55.002>
- Гавриленко В.П., Катмаков П.С., Бушов А.В. Индексная селекция симментальских коров-первотелок. *Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии*. 2018; 2: 119–124. <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2018-2-119-124>
- Salem M.M.I., Nasr M.A.F., Amin A.M.S. Principal component analysis of breeding values for birth weight milk and reproductive traits of the Egyptian buffalo. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53: 183. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02625-2>
- Косьяченко Н.М., Абрамова М.В., Ильина А.В. Комплексные модели в оценке генотипа ремонтного молодняка. *Вестник АПК Верхневолжья*. 2017; 4: 30–34. <https://www.elibrary.ru/yjmjya>
- Amaya A., Martínez R., Cerón-Muñoz M. Selection indexes using principal component analysis for reproductive, beef and milk traits in Simmental cattle. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53: 378. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02815-y>
- Shook G.E. Major Advances in Determining Appropriate Selection Goals. *Journal of Dairy Science*. 2006; 89(4): 1349–1361. [https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72202-0](https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72202-0)
- Wellmann R., Gengler N., Bennewitz J., Tetens J. Defining valid breeding goals for animal breeds. *Genetics Selection Evolution*. 2023; 55: 80. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00855-6>
- Bijma P., Dekkers J.C.M. Predictions of the accuracy of genomic prediction: connecting  $R^2$ , selection index theory, and Fisher information. *Genetics Selection Evolution*. 2022; 54: 13. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00700-2>
- Stockton M.C., Wilson R.K., Feuz D.M., Stalker L.A., Funston R.N. Using measurable physical characteristics to forecast beef heifer maturity: The identification of a maturity index. *Journal of Animal Science*. 2013; 91(9): 4462–4468. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5885>
- Троценко И.В., Иванова И.П. Анализ уровней повторяемости оценок продуктивной способности коров. *Молочнохозяйственный вестник*. 2021; 4: 103–114. [https://doi.org/10.52231/2225-4269\\_2021\\_4\\_103](https://doi.org/10.52231/2225-4269_2021_4_103)
- Романова Е.А., Тулинова О.В. Построение региональных селекционных индексов для коров айрширской популяции РФ. *Генетика и разведение животных*. 2023; 2: 28–35. <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2023-2-28-35>

## ОБ АВТОРАХ

**Елена Анатольевна Романова**  
младший научный сотрудник  
splicing86@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0002-4225-5533>

**Ольга Васильевна Тулинова**  
кандидат сельскохозяйственных наук  
tulinova59@mail.ru  
<https://orcid.org/0009-0005-5704-4420>

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального исследовательского центра животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Московское шоссе, 55А, Пушкин, Санкт-Петербург, 196601, Россия

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

## FUNDING

The research was carried out as part of the scientific research of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation on topic No. 124020200029-4. The research used materials from the Ayrshire Breeding Center (Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of the L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry).

## REFERENCES

- Legarra A., González-Diéguez D., Vitezica Z.G. Computing strategies for multi-population genomic evaluation. *Genetics Selection Evolution*. 2022; 54: 10. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00705-x>
- Misztal I., Aguilar I., Lourenco D., Ma L., Steibel J.P., Toro M. Emerging issues in genomic selection. *Journal of Animal Science*. 2021; 99(6): skab092. <https://doi.org/10.1093/jas/skab092>
- Mei Q., Liu H., Zhao S., Xiang T., Christensen O.F. Genomic evaluation for two-way crossbred performance in cattle. *Genetics Selection Evolution*. 2023; 55: 17. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00792-4>
- Selionova M.I., Evstafieva L.V., Konovalova E.N., Belaya E.V. Marker-assisted and Genomic Selection of Beef Cattle. *Timiryazev Biological Journal*. 2023; 2: 37–48 (in Russian). <https://doi.org/10.26897/2949-4710-2023-2-37-48>
- Stolpovsky Yu.A., Svishcheva G.R., Piskunov A.K. Genomic Selection. II. Latest Trends and Future Trajectories. *Russian Journal of Genetics*. 2020; 56(10): 1155–1161. <https://doi.org/10.1134/S1022795420100129>
- Kalashnikov A.E., Golubkov A.I., Schegolkov N.F., Gosteva E.R. Problems and issues in forecasting the genetic breeding value of agricultural animals. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2022; 4: 77–96 (in Russian). <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2022-65-4-77-96>
- Dunin I.M., Suslina E.N., Grigoryan L.N., Tyapugin E.E., Dunin M.I., Adzhibekov V.K. Domestic livestock raising on the threshold of the third decade of the XXI century. *Zootekhnika*. 2021; 1: 7–10 (in Russian). <https://doi.org/10.25708/ZT.2020.43.55.002>
- Gavrilenko V.P., Katmakov P.S., Bushov A.V. Index selection of Symmental first-calf heifers. *Vestnik of Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2018; 2: 119–124 (in Russian). <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2018-2-119-124>
- Salem M.M.I., Nasr M.A.F., Amin A.M.S. Principal component analysis of breeding values for birth weight milk and reproductive traits of the Egyptian buffalo. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53: 183. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02625-2>
- Kosyachenko N.M., Abramova M.V., Ilyina A.V. Complex models in evaluating the genotype of replacement young stock. *Herald of Agroindustrial complex of Upper Volga region*. 2017; 4: 30–34 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/yjmjya>
- Amaya A., Martínez R., Cerón-Muñoz M. Selection indexes using principal component analysis for reproductive, beef and milk traits in Simmental cattle. *Tropical Animal Health and Production*. 2021; 53: 378. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02815-y>
- Shook G.E. Major Advances in Determining Appropriate Selection Goals. *Journal of Dairy Science*. 2006; 89(4): 1349–1361. [https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72202-0](https://doi.org/https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72202-0)
- Wellmann R., Gengler N., Bennewitz J., Tetens J. Defining valid breeding goals for animal breeds. *Genetics Selection Evolution*. 2023; 55: 80. <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00855-6>
- Bijma P., Dekkers J.C.M. Predictions of the accuracy of genomic prediction: connecting  $R^2$ , selection index theory, and Fisher information. *Genetics Selection Evolution*. 2022; 54: 13. <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00700-2>
- Stockton M.C., Wilson R.K., Feuz D.M., Stalker L.A., Funston R.N. Using measurable physical characteristics to forecast beef heifer maturity: The identification of a maturity index. *Journal of Animal Science*. 2013; 91(9): 4462–4468. <https://doi.org/10.2527/jas.2012-5885>
- Trotsenko I.V., Ivanova I.P. Analysis of the repeatability levels in estimating the productive capacity of cows. *Molochnokhoyzaistvenny Vestnik*. 2021; 4: 103–114 (in Russian). [https://doi.org/10.52231/2225-4269\\_2021\\_4\\_103](https://doi.org/10.52231/2225-4269_2021_4_103)
- Romanova E.A., Tulinova O.V. Construction of regional breeding indices for cows of the Ayrshire population of the Russian Federation. *Genetics and breeding of animals*. 2023; 2: 28–35 (in Russian). <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2023-2-28-35>

## ABOUT THE AUTHORS

**Elena Anatolyevna Romanova**  
Junior Research Assistant  
splicing86@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0002-4225-5533>

**Olga Vasilyevna Tulinova**  
Candidate of Agricultural Sciences  
tulinova59@mail.ru  
<https://orcid.org/0009-0005-5704-4420>

All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals — branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 55A Moscow highway, Pushkin, St. Petersburg, 196601, Russia