

МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ  
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ  
«РОССИЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ -  
МСХА имени К.А. Тимирязева»  
(ФГБОУ ВО РГАУ - МСХА имени К.А. Тимирязева)



На правах рукописи

**ТЛЕУЛЕНОВ ЖУМАДИЯ МУРАТБЕКОВИЧ**

**ОЦЕНКА ПЛЕМЕННЫХ КАЧЕСТВ И ДОСТОВЕРНОСТЬ  
ПРОИСХОЖДЕНИЯ БЫЧКОВ КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ  
ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ МАРКЕРАМ**

4.2.5 – Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

**ДИССЕРТАЦИЯ**  
на соискание ученой степени  
кандидата сельскохозяйственных наук

**Научный руководитель:**  
Юлдашбаев Юсупжан Артыкович  
доктор сельскохозяйственных наук,  
профессор, академик РАН

г. Москва – 2025 г.

**ОГЛАВЛЕНИЕ**

ВВЕДЕНИЕ	4
1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ	
1.1 Современное состояние мясного скотоводства в Республике Казахстан	11
1.2 История создания скота казахской белоголовой породы и некоторые его биологические особенности	15
1.3 Методы и приемы оценки быков мясных пород	17
1.4 Факторы, влияющие на мясную продуктивность молодняка крупного рогатого скота	21
1.5 Селекция крупного рогатого скота по достоверности происхождения методами генотипирования STR-локусов ДНК	25
2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ	
2.1 Краткая характеристика экспериментальной базы	28
2.2 Методика проведения исследований	34
3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ	
3.1 Исследование происхождения методом ДНК-типирования STR-локусов	44
3.1.1 Изучение аллельного состава и генетической изменчивости популяции казахской белоголовой породы	45
3.1.2 Расчет достоверности происхождения племенных бычков казахской белоголовой породы методом ДНК-типирования 21 STR-локусов	57
3.1.3 Разработка базы данных ДНК-профилей крупного рогатого скота, генотипированных методом микросателлитных STR-локусов	60
3.1.4 Формирование опытной и контрольной групп для проведения исследований	66
3.2 Показатели селекции казахской белоголовой породы	68
3.2.1 Изучение изменений живой массы племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 6, 8-15 месяцев	68
3.2.2 Изучение экстерьерно-конституциональных показателей племенных бычков казахской белоголовой породы и расчет индексов телосложения	71

3.2.3 Изучение мясных качеств племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 15 месяцев	74
3.2.4 Оценка экономической эффективности выращивания племенных бычков казахской белоголовой породы	78
ЗАКЛЮЧЕНИЕ	80
ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ	82
ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ	82
ОПРЕДЕЛЕНИЯ, ОБОЗНАЧЕНИЯ И СОКРАЩЕНИЯ	84
СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ	87
ПРИЛОЖЕНИЯ	107

## ВВЕДЕНИЕ

**Актуальность темы.** Производство мясной продукции во многом определяется интенсификацией отрасли, совершенствованием племенных качеств животных, улучшением селекционно-племенной работы и использованием достижений в области биотехнологии (Горлов И.Ф. и др. 2023, Бармина Т.Н. и др. 2022). Интенсивное повышение численности поголовья крупного рогатого скота, включающее ввоз поголовья крупного рогатого скота из стран дальнего рубежа и СНГ предъявляет повышенные требования к контролю происхождения племенного скота и определению его племенной ценности. В свою очередь, достоверность происхождения животных является основополагающим фактором эффективности и достоверности селекционно-племенной работы (Баймуканов А.Д. и др. 2021, Тяпугин С. Е. и др. 2021).

Племенное животноводство в Республике Казахстан регламентируется Законом Республики Казахстан от 9 июля 1998 года № 278 «О племенном животноводстве» и подзаконными нормативно-правовыми актами. Так, в соответствии с приказом Министра сельского хозяйства Республики Казахстан от 11.12.2015 года № 3-3/1084 «Об утверждении Правил присвоения (приостановления, отмены) статуса племенной продукции (материала)», статус племенного животного для крупного рогатого скота мясного направления продуктивности присваивается по первой и второй категориям, где одним из основных отличий между категориями является «наличие генетической экспертизы, определяющей достоверность по отцу».

Перспективным и давно известным методом подтверждения происхождения племенных животных является анализ последовательностей ДНК, который широко используется в странах с высокоразвитым скотоводством. При анализе последовательностей ДНК широко распространено генотипирование по аллелям микросателлитных локусов (STR) и SNP-маркерам (однонуклеотидный полиморфизм) (Криворучко А.Ю. и др. 2021, Племяшов К.В. и др. 2021).

Учитывая увеличение численности маточного поголовья в Республике Казахстан, а также принимая во внимание то что, в мясном скотоводстве в случной

период используются племенные быки, в том числе родственных линий, зачастую возникает проблема при определении достоверности происхождения молодняка, так как потенциальными отцами могут выступать несколько быков-производителей, использовавшихся в хозяйстве (Zh. Tleulenov и др. 2020). В этой связи, при проведении оценки племенной ценности молодняка мясных пород требуется иметь достоверные данные о происхождении животного, так как это напрямую связано с генетической ценностью молодых животных. В молочном скотоводстве подтверждение отцовства требуется для контроля происхождения потомства, полученного путем искусственного осеменения или трансплантации эмбрионов (Жамалиева С.А., Тлеуленов Ж.М. и др. 2014, Харжау А., Тлеуленов Ж. и др. 2017).

Научные исследования доказали, что, используя данные генотипирования ДНК молодых животных и информацию об их геноме, можно определить происхождение теленка с 95% статистической значимостью при вероятностном пороге родства 0,9997. Исследование ДНК-профиля является значительно точным, чем использование записей о родителях в производственных журналах (Eileen Wang и др. 2020, Zhumadiya Tleulenov и др. 2020).

В настоящее время активно развивается направление научных исследований генетической обусловленности признаков мясной продуктивности крупного рогатого скота на уровне ДНК (Селионова М.И. и др. 2023, Ларкина Т.А., Ширяев Г.В. 2024, Белая Е.В. и др. 2022, Колпаков В.И. 2020, Басонов О.А. и др. 2023). Вместе с тем, Международным комитетом регистрации животных (ICAR) рекомендованы два современных метода определения и контроля происхождения племенных животных основанных на однонуклеотидном полиморфизме ДНК (SNP) порядка 100 маркеров и микросателлитах ДНК (STR) не менее 12 локусов (<https://www.icar.org/index.php/icar-recording-guidelines/>).

### **Степень разработанности темы исследований.**

Развитие современного животноводства требует внедрения объективных методов контроля происхождения и оценки племенной ценности сельскохозяйственных животных. Особое значение это имеет для мясного скотоводства, где эффективность селекционных программ напрямую зависит от

точности племенного учета, достоверности происхождения и правильной оценки продуктивных качеств животных. В настоящее время исследования в области селекции мясного скота развиваются по двум взаимодополняющим направлениям, включая совершенствование классических методов оценки племенной ценности и внедрение молекулярно-генетических методов контроля происхождения и анализа генетической структуры популяций.

Значительный вклад в развитие методов молекулярно-генетического анализа сельскохозяйственных животных внесли многие российские и казахстанские ученые Зиновьева Н.А. и др. (2016), Денискова Т. Е. и др. (2016), Кабицкая Я.А. и др. (2020), Кузнецов В. М. (2020), Тяпугин С.Е. и др. (2021), Кузнецова М.К. и др. (2022), Шевхужев А.Ф. и др. (2022), Абдельманова А.С. и др. (2023), Насамбаев Е.Г, Бейшова И.С. и др. (2023), Ильина А.В. и др. (2024), чьи исследования посвящены изучению генетической структуры пород и анализу их генетического разнообразия.

Параллельно с развитием молекулярной генетики важное значение сохраняют традиционные методы селекционно-племенной работы, основанные на оценке продуктивных и воспроизводительных качеств животных. основополагающие исследования в области селекции мясного скота были выполнены российскими и казахстанскими учеными Левахиным В.И. и др. (2010-2011), Горловым И.Ф. и др. (2014, 2022), Амерхановым Х.А. и др. (2017, 2020, 2022), Калашниковым В.В. и др. (2008) , Юлдашбаевым Ю.А. и др. (2019, 2020) , Трухачевым В.И., Фейзуллаевым Ф.Р. (2018), Карамаевым С.В. (2019, 2021), Бисембаевым А.Т. и др. (2018), Баймукановым Д.А. и др. (2019) и др. В их исследованиях рассматриваются вопросы совершенствования мясных пород скота, повышения мясной продуктивности животных и разработки эффективных селекционных программ.

Анализ научной литературы показывает, что вопросы оценки генетической структуры популяций крупного рогатого скота и контроля происхождения животных по микросателлитным маркерам активно изучаются в мировой и российской науке. В то же время исследования, посвященные комплексной оценке

племенных качеств бычков мясных пород с учетом молекулярно-генетической проверки происхождения, остаются недостаточно разработанными.

### **Цель и задачи исследований.**

Цель работы – оценить генетическое разнообразие и достоверность происхождения на основе анализа микросателлитных маркеров ДНК, рост, развитие и мясную продуктивность бычков казахской белоголовой породы.

Для достижения поставленной цели решались следующие задачи:

- изучить генетическую структуру и оценить генетическое разнообразие популяции племенных бычков;
- оценить достоверность происхождения племенных бычков казахской белоголовой породы методом ДНК-типирования 21 STR-локуса;
- разработать базу данных ДНК-профилей крупного рогатого скота, генотипированных методом микросателлитных STR-локусов;
- сформировать опытную и контрольную группы племенных бычков для оценки племенных качеств;
- изучить динамику изменений живой массы племенных бычков казахской белоголовой породы в возрастах 6, 8-15 месяцев;
- измерить экстерьерно-конституциональные показатели племенных бычков казахской белоголовой породы и рассчитать индексы телосложения;
- исследовать мясные качества племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 15 месяцев;
- рассчитать экономическую эффективность выращивания племенных бычков казахской белоголовой породы.

### **Научная новизна.**

Впервые в Республике Казахстан проведены столь масштабные работы в животноводстве, субсидируемые государством на развитие племенного скотоводства, где в рамках грантового проекта Министерства образования и науки Республики Казахстан (Рег.№: 0113РК00993) создана база данных генотипированных образцов ДНК животных мясных и молочных пород. База данных позволяет проводить регистрацию показателей от 12-ти до 21-го

микросателлитных локусов ДНК, в соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (ISAG, 2024), осуществлять математический расчет достоверности происхождения племенного скота и формировать генетический сертификат с указанием данных генетического профиля племенного животного с подтвержденным происхождением по отцу (Жамалиева С.А., Аюпова А.Б., Тлеуленов Ж.М.2016, Zh. Tleulenov и др. 2020).

В практику селекционно-племенной работы с породным скотом Республики Казахстан внедрены современные молекулярно-генетические методы оценки достоверности происхождения, соответствующие рекомендациям Международного общества генетики животных (ISAG), Международного комитета регистрации животных (ICAR) и Продовольственной и сельскохозяйственной организации Объединенных Наций (FAO) (А.Биссембаев, Zh. Tleulenov и др. 2020).

Доказана эффективность использования молекулярно-генетического метода подтверждения достоверности происхождения племенных животных по 21 микросателлитам ДНК для использования в практике племенной работы по совершенствованию мясных пород скота, а также для повышения рентабельности отрасли мясного скотоводства (Тлеуленов Ж.М. и др. 2017).

**Теоретическая и практическая значимость работы** состоит в том, что полученные результаты внедрены в селекционно-племенную работу казахстанских заводчиков мясных пород, где сертифицированные генетические лаборатории имеют возможность внести данные STR-локусов ДНК племенных животных в базу данных, и тем самым подтвердить происхождение племенного молодняка в республиканских палатах по мясным породам, что позволяет казахстанским фермерам реализовывать племенной скот по более высокой рыночной цене (Zh. Tleulenov и др. 2020).

**Методология и методы исследований.** В ходе проведенного исследования генотипированы 289 голов крупного рогатого скота казахской белоголовой породы. Микросателлитный анализ генома животных проводился в сертифицированной ISAG Лаборатории генетики животных Университета Квинсленда (Австралия) с использованием аллель-специфичной ПЦР. Полученные данные генотипированных

образцов и их комбинациях аллельных вариантов микросателлитных локусов генома крупного рогатого скота обработаны при помощи расширения GenAlEx 6.5 программы Microsoft Office Excel.

Также, в ходе исследования применялись разнообразные методы, включая общебиологические, зоотехнические, морфологические, физиологические и статистические методы.

**Основные положения, выносимые на защиту:**

1. Генетическая структура и разнообразие казахской белоголовой породы;
2. Достоверность происхождения племенных бычков по 21 STR-локусу ДНК;
3. Динамика изменений живой массы племенных бычков в возрастах 6, 8-15 месяцев;
4. Мясные качества племенных бычков в возрасте 15 месяцев;
5. Анализ экономической эффективности выращивания племенных бычков.

**Апробация работы.** Основные положения диссертационной работы доложены и получили положительную оценку:

- международная научно-практическая конференция «Животноводство и кормопроизводство: теория, практика и инновация» (2013 г.);
- I Евразийская научно-практическая конференция "Инновационные агробiotехнологии в животноводстве и ветеринарной медицине" (2015 г.);
- III Евразийская конференция «Фундаментальные и прикладные аспекты клеточной биотехнологии и молекулярной генетики в племенном животноводстве стран ЕАЭС» (2016 г.);
- международный молодежный научный форум «ЛОМОНОСОВ-2017» (2017 г.);
- ежегодная конференция Американского общества животноводов (ASAS, 2020 г.);
- на заседаниях кафедры частной зоотехнии и ученого совета Института зоотехнии и биологии ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, г. Москва, 2025–2026 гг.;
- на расширенном межкафедральном заседании Института зоотехнии и биологии ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева (март 2026 г.).

**Публикация результатов исследований.** Основные положения и результаты диссертационного исследования нашли отражение в 14 опубликованных работах, в том числе 3 статьи в журналах рекомендованных ВАК РФ: «Известия Оренбургского государственного аграрного университета», «Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса» и «Труды Кубанского государственного аграрного университета» (общий объем составляет 1,13 п. л., из них подготовлено самостоятельно – 0,93 п. л.), получен 1 патент Республики Казахстан на полезную модель, 1 авторское свидетельство Российской Федерации, 1 авторское свидетельство Республики Казахстан и издана 1 монография.

**Связь темы с планом научных исследований.** Проведенные исследования являются составной частью тематического плана научно-исследовательской работы соискателя.

**Личный вклад автора.** Представленная диссертационная работа является результатом 14 лет научных исследований автора. Личный вклад автора состоит в выборе и обосновании направления исследований, разработке методики и плана научных исследований, формулировке научной проблемы, определении объекта, цели и задач исследования, при непосредственном участии автора проведены научные эксперименты и получены исходные данные, а также им осуществлен анализ фактического материала и обобщение результатов, апробация результатов исследований на международных и всероссийских научно-практических конференциях.

**Структура и объем работы.** Материал диссертационной работы изложен на 111 страницах компьютерного текста, содержит 19 рисунков, 18 таблиц и включает следующие разделы: введение, обзор литературы, материал и методика исследований, результаты собственных исследований, заключение, предложения производству, список литературы, включающий 167 источников, из них 85 – на иностранных языках, а также 4 приложения.

Автор выражает глубокую благодарность и признательность за наставничество и помощь доктору сельскохозяйственных наук, профессору, академику РАН Юлдашбаеву Ю.А., кандидату сельскохозяйственных наук,

профессору Бисембаеву А.Т., доктору биологических наук, профессору Шамшидину А.С., кандидатам сельскохозяйственных наук Сейтмуратову А.Е. и доценту Ускенову Р.Б., руководителям и сотрудникам ТОО «Крымское» (Казахстан), научным сотрудникам и специалистам ТОО «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии» (Казахстан) и лабораторий генетики животных Университета Квинсленд (Австралия), а также коллегам, родителям и семье за поддержку и понимание в стремлениях автора.

## 1. ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ

### 1.1 Современное состояние мясного скотоводства в Республике Казахстан

Мясное скотоводство является одним из ключевых направлений агропромышленного комплекса Республики Казахстан и играет важную роль в обеспечении продовольственной безопасности страны, развитии сельских территорий и формировании экспортного потенциала сельскохозяйственной продукции. Казахстан обладает значительными природными ресурсами, прежде всего обширными пастбищными угодьями, площадь которых превышает 180 млн гектаров, что создает благоприятные условия для развития пастбищного мясного скотоводства и производства говядины (Hankerson, 2025).

После распада СССР отрасль пережила значительное сокращение поголовья скота, однако начиная с 2000-х годов наблюдается постепенное восстановление и устойчивый рост численности сельскохозяйственных животных. В частности, численность крупного рогатого скота в стране сократилась с 9,5 млн. голов в 1992 году до менее 4 млн. голов в 1999 году, однако в последующие годы отрасль начала постепенно восстанавливаться благодаря государственным программам поддержки животноводства и развитию фермерских хозяйств (S. Tazhibaev и др. 2014).

В последние годы развитие мясного скотоводства в Казахстане осуществляется в рамках государственной аграрной политики, направленной на повышение продуктивности сельскохозяйственных животных, совершенствование племенной работы и увеличение объемов производства мясной продукции. Анализ государственной политики и мер поддержки аграрного сектора показывает, что Казахстан активно реализует программы модернизации сельского хозяйства и стимулирования развития животноводства (Аубакирова Г.М., Исатаева Ф.М., 2021). Так, индекс физического объема продукции животноводства в 2025 году составил около 103–104 % по сравнению с предыдущим годом, что свидетельствует о стабильной положительной динамике отрасли (<https://stat.gov.kz/>). По данным национальной статистики и отраслевых аналитических источников Республики Казахстан, в 2025 году численность крупного рогатого скота достигла порядка 8,4 млн голов, что демонстрирует устойчивую тенденцию роста (рисунок 1).

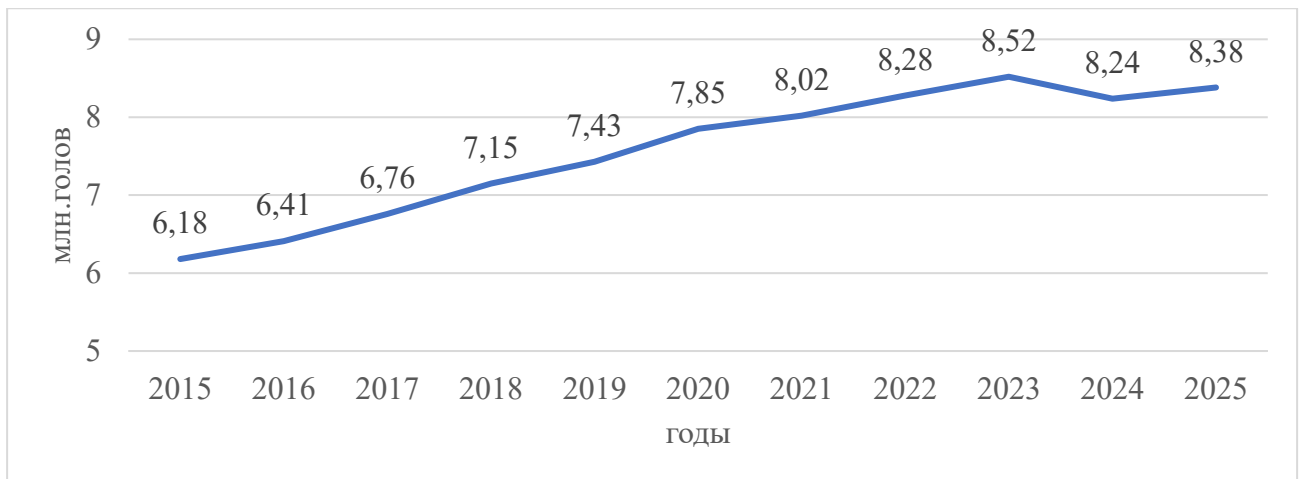


Рисунок 1 – Численность поголовья крупного рогатого скота в Казахстане

Анализ данных показывает, что за последние десять лет поголовье скота увеличилось примерно на 35 %, что свидетельствует о значительном расширении животноводческой отрасли, где рост поголовья связан с расширением фермерских хозяйств, улучшением племенной работы и внедрением современных технологий производства.

Увеличение поголовья крупного рогатого скота сопровождается ростом производства говядины и является одним из наиболее перспективных направлений животноводства Казахстана благодаря наличию обширных пастбищ и благоприятных природно-климатических условий. По данным официальной статистики, ежегодное производство говядины в Казахстане составляет порядка 450–500 тыс. тонн, что позволяет полностью обеспечивать внутренний спрос на данный вид продукции (рисунок 2).

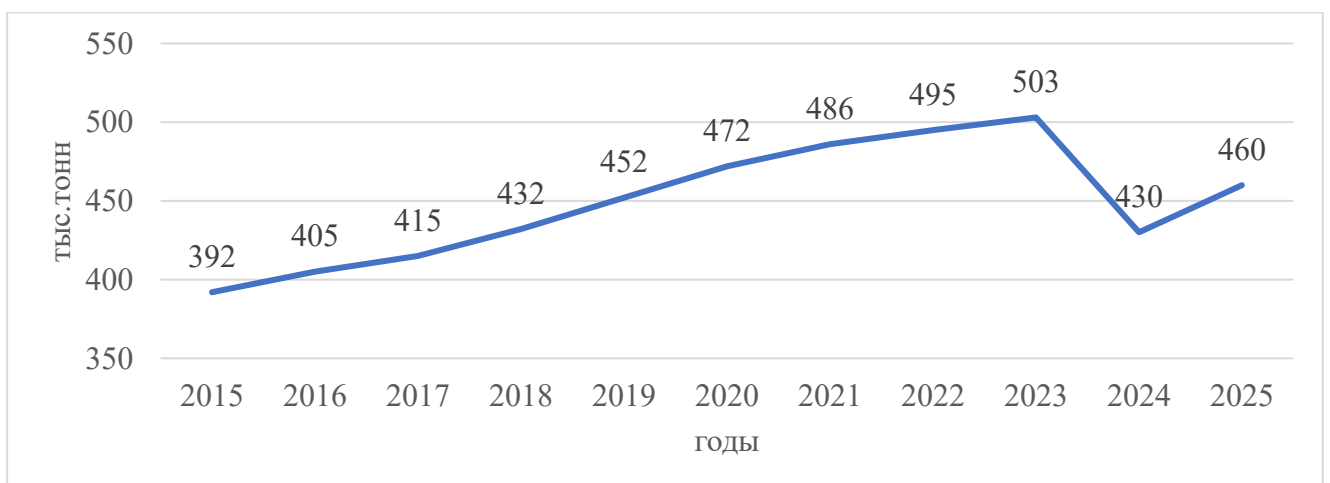


Рисунок 2 - Производство говядины в Казахстане

Несмотря на временные колебания показателей, общая тенденция развития мясного производства остается положительной. Увеличение производства мяса связано с ростом поголовья скота, улучшением кормовой базы, внедрением интенсивных технологий откорма животных и государственной поддержкой отрасли.

Особенностью мясного скотоводства Казахстана является высокая доля животных, содержащихся в личных подсобных хозяйствах населения, при этом в последние годы наблюдается постепенное увеличение доли фермерских хозяйств и сельскохозяйственных предприятий (рисунок 3).

По данным официальной статистики на 2025 год структура поголовья КРС выглядит следующим образом (<https://stat.gov.kz/>):

- 45,3 % - личные подворные хозяйства населения;
- 43,3 % - крестьянские (фермерские) хозяйства;
- 11,4 % - сельскохозяйственные предприятия.

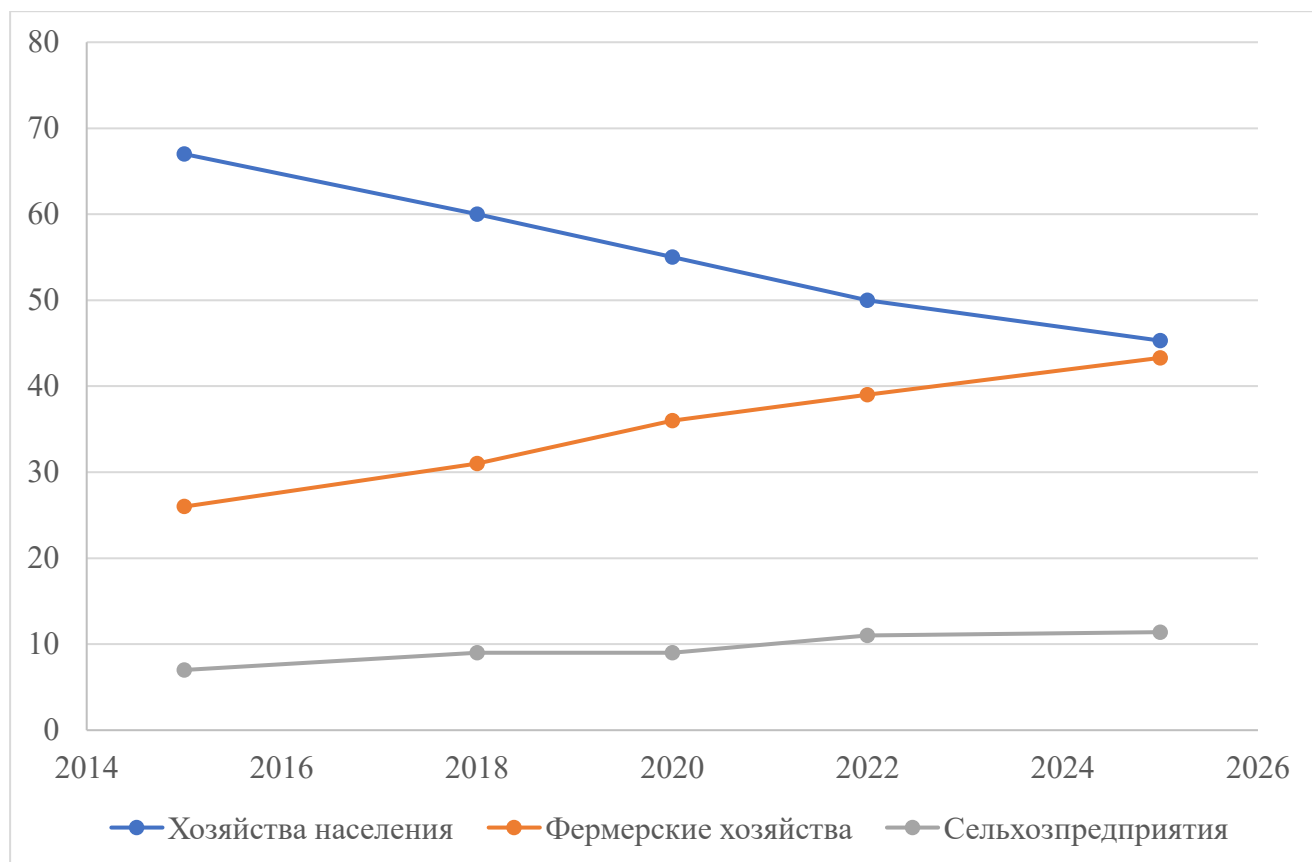


Рисунок 3 - Структура поголовья крупного рогатого скота по категориям хозяйств (%)

Таким образом, наблюдается тенденция постепенного перехода от мелкотоварного производства к более крупным сельскохозяйственным предприятиям и фермерским хозяйствам. Это связано с развитием индустриальных технологий производства, улучшением генетики скота и ростом инвестиционной привлекательности отрасли.

Несмотря на положительную динамику развития мясного скотоводства, отрасль сталкивается с рядом проблем, включая недостаточное развитие кормовой базы, низкий уровень генетического потенциала части поголовья, недостаточная технологическая оснащенность мелких хозяйств, ограниченные мощности по переработке мясной продукции.

Важным фактором развития мясного скотоводства является генетический потенциал животных. Исследования генетических характеристик местных пород крупного рогатого скота показывают, что казахские породы обладают высокой адаптивностью к суровым климатическим условиям и способны эффективно использовать пастбищные ресурсы (Хамзина А.К. и др., 2024).

Современные методы селекции и генетического анализа позволяют значительно повысить продуктивность мясного скота и улучшить качество мясной продукции. В частности, применение молекулярно-генетических методов способствует повышению эффективности племенной работы и оптимизации структуры стада (А.Ф. Шевхужев и др., 2022; О. Басонов и др., 2023; М. Селионова и др., 2023).

В то же время Казахстан обладает значительным потенциалом для дальнейшего развития мясного скотоводства, в частности использование обширных пастбищных ресурсов позволяет увеличить производство говядины и повысить экспортный потенциал страны. По оценкам экспертов, при эффективном использовании пастбищных угодий производство говядины в Казахстане может увеличиться в несколько раз, что позволит стране укрепить позиции на мировом рынке мясной продукции.

Современное состояние мясного скотоводства в Республике Казахстан характеризуется устойчивым ростом поголовья крупного рогатого скота,

увеличением производства говядины и постепенной модернизацией отрасли. В период 2015–2025 гг. поголовье всего крупного рогатого скота увеличилось более чем на треть и производство говядины показывает стабильный рост отрасли.

Важной особенностью отрасли является высокая доля фермерских и личных подсобных хозяйств, при этом наблюдается постепенная концентрация производства в сельскохозяйственных предприятиях. Дальнейшее развитие мясного скотоводства связано с совершенствованием племенной работы, улучшением кормовой базы, внедрением современных технологий содержания и откорма животных, а также расширением экспортных возможностей казахстанской говядины.

## **1.2 История создания скота казахской белоголовой породы и некоторые его биологические особенности**

Казахская белоголовая (английский - Kazakh Whitehead, казахский – Қазақ ақбас) - специализированная мясная порода крупного рогатого скота, сформированная в период ~1930–1950 гг. в СССР на территории Казахстана и прилегающих районов Нижнего Поволжья России. Порода сочетает в себе мясные качества завезённой герефордской крови и адаптивные свойства (выносливость, неприхотливость) местных пород (казахской, калмыцкой) (Арзуманян Е.А. и др. 1984, Эрнст Л.К. и др. 1984).

История создания породы начинается с селекционной работы в совхозах Казахстана и Нижнего Поволжья России с 1930-х годов, где проводили целенаправленное воспроизводительное скрещивание местного (казахского, частично калмыцкого) скота с быками герефордской породы. Итоговое формирование породы и закрепление типа завершились к 1950 г. (рисунок 4). Методика селекции на ранних этапах заключалась преимущественно на помесях 1-го и 2-го поколения с последующим скрещиванием и отбором по мясным и адаптивным признакам.



Рисунок 4 - Племенные бычки казахской белоголовой породы в ТОО «Крымское»

Биологические особенности и продуктивные показатели казахской белоголовой породы:

- морфологическая окраска представлена тёмно-красной мастью с белой головой, белыми отметинами на брюхе, ногах и кончике хвоста (типичная окраска герефордской породы в сочетании с конституцией местного скота);
- телосложение и масса характеризуется как компактный тип, средние живые массы по сводным данным: коровы  $\approx 500\text{--}560$  кг (иногда до 700 кг), быки 800–850 (в отдельных случаях  $\sim 1000$  кг), высота в холке коров  $\sim 124$  см, быков  $\sim 133$  см;
- скорость роста и откорма позволяет получать хорошие приросты живой массы при пастбищном содержании, убойный выход порядка 63–67%;
- молочная продуктивность в среднем 1 200–1 500 кг за лактацию, однако при селекции на молочность в отдельных хозяйствах отмечались удои до 4–6 тыс.кг;
- адаптивные черты представлены отличной приспособляемостью к резко континентальному климату (переносимость и низкие требования к кормам, зимняя густая шерсть), стойкость к сезонным колебаниям кормовой базы как одна из причин успешного распространения в степных и полупустынных районах.

Современные генетические исследования и генетическая структура подтверждают композитное происхождение породы, где наблюдается значительный вклад герефордской породы при существенном вкладе местных (калмыцких, алтайских/казахских) генетических компонентов. Это подтверждается

исследованиями по выявлению генов-кандидатов связанных с мясной продуктивностью, метаболизмом липидов, ростом и развитием скелета (Khamzina, A.K. и др. 2025). Обзорные генетические работы в Казахстане рассматривают казахскую белоголовую как одну из ключевых пород мясного направления, важную для сохранения генофонда и популяционного мониторинга.

Казахская белоголовая использовалась как материнская/отцовская база для вывода местных специализированных пород (аулиекольская порода) и при улучшении мясных качеств местных популяций крупного рогатого скота. Для устойчивого развития породы нужны системный популяционный мониторинг, сохранение племенной базы и интеграция геномных данных в селекционные программы.

### **1.3 Методы и приемы оценки быков мясных пород**

Эффективность селекционно-племенной работы в мясном скотоводстве во многом определяется качеством оценки быков-производителей, поскольку один производитель способен оказать значительное влияние на генетическую структуру стада и продуктивность последующих поколений животных. Поэтому разработка научно обоснованных методов оценки племенной ценности быков является одной из важнейших задач селекции мясного скота (Bourdon, 2000; Falconer, Mackay, 1996).

В мировой и отечественной практике селекции мясного скота используется комплекс зоотехнических методов оценки производителей, включающий анализ происхождения, оценку по собственной продуктивности, экстерьеру, воспроизводительным качествам и по качеству потомства (Dalton, 1978; Левахин, Горлов, 2011). Комплексное применение этих методов позволяет наиболее объективно определить генетический потенциал производителей и их селекционную ценность.

Генеалогический метод является одним из традиционных способов оценки племенной ценности животных основанный на анализе родословной и продуктивности предков, что позволяет определить генетический потенциал

животного ещё до получения данных о его собственной продуктивности (Falconer, Maskau, 1996). При анализе происхождения учитываются:

- продуктивность родителей и ближайших предков;
- принадлежность к генеалогической линии;
- результаты оценки родственников;
- генетическая ценность предков по данным племенного учета.

По мнению ряда исследователей, генеалогический анализ позволяет выявлять наиболее перспективные линии животных и эффективно использовать их в селекционной работе с мясными породами скота (Левахин, Горлов, 2011)..

Одним из наиболее распространённых методов оценки производителей является анализ по собственной продуктивности, широко применяемый в мировой практике испытания быков по собственной продуктивности (performance testing), которые позволяют сравнивать животных в одинаковых условиях содержания и кормления (Dalton, 1978).

Исследования показывают, что испытания быков по собственной продуктивности широко применяются в странах с развитым мясным скотоводством и являются эффективным инструментом выявления животных с высоким генетическим потенциалом роста и воспроизводства (Rollins, Pollock, 1962; Raidan и др., 2016, D.Matakbayev, A.Tilepova, A.T. Bissembayev 2021, Бисембаев А.Т. и др. 2022, 2023).

В ходе испытаний по собственной продуктивности оцениваются следующие показатели:

- живая масса при рождении;
- живая масса при отъеме;
- живая масса в возрасте 12–18 месяцев;
- среднесуточный прирост живой массы;
- эффективность использования кормов.

Испытания могут проводиться как на специализированных станциях, так и непосредственно в хозяйствах. При этом важным условием является формирование комплементарных групп, включающих животных одинакового возраста и

выращенных в одинаковых условиях, что обеспечивает корректность сравнения результатов (Bourdon, 2000).

Оценка экстерьера является важным элементом зоотехнической характеристики производителей и позволяет выявить животных, обладающих оптимальным телосложением для мясного направления продуктивности (Левахин, Горлов, 2011). Оценка экстерьера проводится по балльной системе и позволяет выявить животных с желательным типом телосложения, где учитываются такие признаки как развитие мускулатуры, глубина и ширина груди, длина и ширина туловища, развитие задней части туловища, крепость конечностей, выраженность мясных форм и пропорциональность телосложения. Современные методы исследования оценки экстерьера включают в себя использование цифровых стереокамер глуби с построением 3Д-облака точек для точной оценки показателей экстерьера и расчета оценок по балльной системе (Bissembayev, A. и др., 2025).

Важной составляющей племенной оценки быков-производителей является определение их репродуктивной способности (Breeding Soundness Evaluation), где учитывается общее состояние здоровья животного, развитие половых органов (препуций), окружность мошонки и качество спермы (подвижность и морфология сперматозоидов).

Исследования показывают, что окружность мошонки и качество эякулята (спермы) является одними из наиболее информативных показателей репродуктивной способности быков и коррелирует с половым развитием их потомства (Koziol, Armstrong, 2018, ).

Наиболее объективным методом определения племенной ценности быков-производителей является оценка по качеству потомства, основанная на сравнении продуктивности потомков различных производителей (Bourdon, 2000).

В современных селекционных программах широко используются генетические оценки, основанные на статистических моделях наилучшего линейного несмещённого прогноза (метод BLUP), разработанных С. Henderson и позволяющих более точно определить племенную ценность животных (Henderson, 1975). Одним из наиболее широко применяемых показателей является Expected

Progeny Difference (EPD) - показатель ожидаемой разницы в продуктивности потомства (Bourdon, 2000).

Важным элементом племенной оценки мясных пород является анализ мясной продуктивности животных, где используется комплекс показателей, характеризующих убойные и морфологические качества туш (Левахин, Горлов, 2011), в том числе:

- предубойная живая масса;
- масса туши;
- убойный выход;
- масса внутреннего жира.

Убойный выход определяется как отношение массы туши к предубойной живой массе животного, выражаемый в процентах и характеризующий эффективность использования животных для производства мяса. Более детальная оценка мясной продуктивности включает в себя анализ морфологического состава туш (масса мышечной ткани, масса жировой ткани, масса костной ткани). Соотношение этих тканей является важным показателем качества туши и используется при племенной оценке животных. В современных селекционных программах также учитываются такие показатели, как площадь мышечного глазка, толщина подкожного жира и мраморность мяса (Bourdon, 2000, Бисембаев А.Т. и др. 2019).

Значительный вклад в разработку методов оценки мясного скота внесли российские ученые, так в работах Левахина В.И. разработаны научные основы технологии производства говядины и методы оценки мясной продуктивности молодняка крупного рогатого скота. Особое внимание в этих исследованиях уделяется оценке интенсивности роста, конверсии кормов и убойных качеств животных. В научных работах Юлдашбаева Ю.А. рассматриваются вопросы повышения мясной продуктивности животных, совершенствования методов оценки продуктивных качеств и использования современных селекционных технологий. Значительный вклад в развитие мясного скотоводства внес Амерханов

Х.А., исследования которого посвящены сохранению генетических ресурсов сельскохозяйственных животных и совершенствованию селекционных программ.

Таким образом, современная система оценки быков мясных пород основана на комплексном использовании зоотехнических методов, включающих анализ происхождения, оценку по собственной продуктивности, экстерьеру, воспроизводительным качествам и по качеству потомства. Дополнительное значение имеет оценка мясной продуктивности животных на основе анализа убойных показателей и морфологического состава туш. Использование комплексной оценки позволяет повысить точность селекционного отбора и обеспечить эффективное генетическое совершенствование мясных пород крупного рогатого скота.

#### **1.4 Факторы, влияющие на мясную продуктивность молодняка крупного рогатого скота**

Мясная продуктивность молодняка крупного рогатого скота формируется под влиянием комплекса генетических, физиологических, кормовых и технологических факторов. Их взаимодействие определяет интенсивность роста животных, эффективность использования кормов, убойные качества и морфологический состав туш. Современные исследования показывают, что уровень мясной продуктивности животных является результатом сложного взаимодействия наследственных особенностей организма и условий окружающей среды (Falconer, Mackay, 1996; Bourdon, 2000).

По данным современных научных исследований, факторы, влияющие на мясную продуктивность животных, условно можно разделить на несколько основных групп: генетические, кормовые, технологические, физиологические и экологические (Sakowski и др., 2022; Simeanu и др., 2025).

Генетические особенности животных являются одним из важнейших факторов, определяющих уровень мясной продуктивности. Порода, генотип, наследуемость продуктивных признаков и генетическая структура популяции

оказывают существенное влияние на скорость роста животных, конверсию кормов и качество получаемой продукции (Falconer, Mackay, 1996).

Исследования показывают, что такие признаки, как живая масса, среднесуточный прирост и убойный выход, характеризуются средней или высокой наследуемостью, что позволяет эффективно улучшать их путем селекционного отбора (Raidan и др., 2016). Многочисленные исследования свидетельствуют, что генетические факторы определяют значительную часть варибельности показателей роста и мясной продуктивности. В частности, установлено, что такие параметры, как порода, возраст матери и генотип родителей, оказывают значительное влияние на живую массу молодняка и интенсивность его роста (Крупа и др., 2005; Dominguez-Castaño и др., 2021).

Кроме того, генетические различия между породами определяют адаптационные способности животных к различным условиям содержания. Например, животные типа *Bos indicus* обладают большей устойчивостью к тепловому стрессу по сравнению с *Bos taurus*, что отражается на показателях их роста и продуктивности (Frisch, Vercoe; Gomes и др. 1977, Scheffler 2022).

В отечественной науке генетические аспекты мясной продуктивности крупного рогатого скота подробно изучены в работах Левахина В.И., Горлова И.Ф., Юлдашбаева Ю.А. и Амерханова Х.А., которые отмечают важную роль селекционного отбора и генетического совершенствования мясных пород для повышения эффективности производства говядины.

Кормление является одним из наиболее значимых факторов, определяющих уровень мясной продуктивности молодняка крупного рогатого скота. Рацион животных должен обеспечивать их организм необходимым количеством энергии, протеина, минеральных веществ и витаминов. Исследования показывают, что структура рациона, соотношение концентрированных и грубых кормов, а также уровень энергетического питания оказывают значительное влияние на интенсивность роста и качество мяса (Park и др., 2018; Qin и др., 2025).

Кроме того, состав рациона влияет на жирнокислотный состав мяса, его вкусовые качества и питательную ценность (Sakowski и др., 2022). По данным ряда

исследований, повышение уровня энергетического питания способствует увеличению среднесуточных приростов и улучшению убойных качеств животных (Ojo и др., 2024). В отечественных исследованиях вопросы кормления и его влияния на мясную продуктивность животных подробно рассмотрены в работах Калашникова В.В. и др. 2003, посвящённых разработке научно обоснованных норм кормления сельскохозяйственных животных.

Также технология выращивания и содержания животных оказывает существенное влияние на их рост и развитие, где к технологическим факторам относятся условия содержания, плотность размещения животных, тип кормления и уровень механизации производства. Результаты исследований показывают, что такие факторы, как сезон выращивания, тип содержания, размер групп животных и начальная живая масса, оказывают значительное влияние на показатели роста и эффективность производства говядины (Koknaroglu и др., 2010).

Кроме того, управление стадом, включая систему выращивания и технологию откорма, является важным фактором, определяющим продуктивность животных и экономическую эффективность производства (Park и др., 2018). Необходимо отметить, что совершенствование технологий выращивания молодняка мясных пород является одним из основных резервов повышения мясной продуктивности животных.

Физиологическое состояние животных также оказывает существенное влияние на уровень их мясной продуктивности. К важнейшим физиологическим факторам относятся возраст животных, пол, уровень гормональной активности и физиологического состояния организма. Исследования показывают, что с возрастом изменяются интенсивность роста и скорость формирования мышечной и жировой ткани, что влияет на качество получаемой продукции (Sakowski и др., 2022). Кроме того, пол животных оказывает влияние на скорость роста и состав туши. Бычки, как правило, характеризуются более высокой интенсивностью роста и лучшей конверсией кормов по сравнению с телками.

Экологические условия, включая климат, температуру окружающей среды и уровень стресса, также оказывают влияние на продуктивность животных.

Экстремальные температурные условия могут отрицательно влиять на рост животных и эффективность использования кормов, где тепловой стресс приводит к снижению аппетита, уменьшению среднесуточных приростов и ухудшению качества мясной продукции (Park и др., 2018). Кроме того, климатические условия влияют на адаптационные способности и эффективность использования кормовых ресурсов животными.

Мясная продуктивность молодняка крупного рогатого скота формируется под влиянием комплекса факторов, среди которых ведущую роль играют генетика животных, уровень кормления, технология содержания, физиологическое состояние организма и экологические условия. При этом комплексное изучение и учет этих факторов в селекционно-племенной работе позволяет значительно повысить эффективность производства говядины и улучшить качество получаемой продукции.

Казахская белоголовая порода играет важную роль в развитии мясного скотоводства Казахстана и сопредельных регионов, так как была сформирована порода, характеризующаяся высокой приспособленностью к экстремальным природно-климатическим условиям степных и полупустынных зон.

Современные исследования показывают, что казахская белоголовая порода занимает значительную долю в структуре мясного скотоводства Казахстана и является одной из основных пород, используемых для производства говядины. Так, при интенсивном выращивании среднесуточный прирост молодняка может достигать 900–1100 г, что свидетельствует о высоком потенциале мясной продуктивности животных.

Особенности формирования живой массы и среднесуточных приростов животных данной породы подробно изучены в исследованиях Бисембаева А.Т. (2023), где установлено, что показатели роста молодняка существенно зависят от генетических особенностей животных и условий их содержания, а также изменяются в процессе развития.

Ряд исследований также посвящён изучению генетических факторов роста и продуктивности животных данной породы, где установлено, что полиморфизм

генов гормона роста, рецептора гормона роста и инсулиноподобного фактора роста оказывает значительное влияние на показатели роста и эффективность использования кормов у молодняка казахской белоголовой породы (Gerasimov и др. 2023).

Таким образом, анализ научной литературы свидетельствует о том, что казахская белоголовая порода крупного рогатого скота обладает рядом хозяйственно-биологических особенностей, обеспечивающих её высокую ценность для мясного скотоводства. К таким особенностям относятся высокая мясная продуктивность, хорошая адаптация к экстремальным климатическим условиям, высокая устойчивость к заболеваниям, хорошая воспроизводительная способность и способность эффективно использовать пастбищные корма.

### **1.5 Селекция крупного рогатого скота по достоверности происхождения методами генотипирования STR-локусов ДНК**

Развитие современной селекции сельскохозяйственных животных тесно связано с внедрением молекулярно-генетических методов анализа генома, где одним из наиболее важных направлений применения генетических технологий в животноводстве является контроль достоверности происхождения животных. Ошибки в установлении родословной могут приводить к значительному снижению эффективности селекционной работы, поскольку искажают результаты оценки племенной ценности животных и нарушают генетическую структуру популяций (Glowatzki-Mullis и др., 1995).

В настоящее время одним из наиболее распространённых методов генетической идентификации животных является генотипирование микросателлитных маркеров (STR-локусов) ДНК, представляющих собой короткие tandemные повторы нуклеотидных последовательностей ДНК, характеризующиеся высокой степенью полиморфизма и равномерным распределением по геному. Благодаря этим особенностям они широко используются для анализа генетического разнообразия, установления родства и идентификации животных (Viryanski, 2019).

Исследования показывают, что микросателлитные маркеры обладают высокой информативностью и позволяют надежно подтверждать или исключать родительские пары на основе анализа аллельных комбинаций у потомства и предполагаемых родителей. При проведении теста сравниваются ДНК-профили потомка и предполагаемых родителей, и если по одному из локусов не обнаруживается совпадения аллелей, предполагаемый родитель исключается из родословной (University of California, Davis, Veterinary Genetics Laboratory, <https://vgl.ucdavis.edu/test/parentage-genetic-marker-report-cattle>).

Для унификации методов генетической идентификации животных международными организациями были разработаны специальные стандарты. В частности, ISAG и ICAR рекомендовали стандартную панель микросателлитных маркеров для контроля происхождения крупного рогатого скота, где минимальное количество маркеров, необходимое для достоверного подтверждения происхождения, составляет не менее 12 STR-локусов (Modorov, 2024)

Согласно международным рекомендациям ICAR, лаборатории, выполняющие генотипирование животных, должны соответствовать требованиям аккредитации и использовать стандартизированные панели маркеров для обеспечения сопоставимости результатов исследований (<https://www.icar.org/>).

В практике селекционно-племенной работы генотипирование STR-локусов используется для решения нескольких важных задач, включая:

- подтверждение достоверности происхождения животных;
- выявление ошибок племенного учета;
- анализ генетической структуры популяций;
- оценка генетического разнообразия пород;
- идентификация животных и контроль генеалогических линий.

Кроме того, микросателлитные маркеры активно применяются для изучения генетического разнообразия пород крупного рогатого скота и анализа популяционной структуры стад. Генотипирование STR-локусов позволяет оценивать уровень гетерозиготности, выявлять породоспецифические аллели и анализировать степень генетической консолидации популяций (Глазко и др., 2023)

В России исследования по применению микросателлитных маркеров в селекции крупного рогатого скота активно проводятся в ряде научных центров, включая ВНИИ племенного дела, ВИЖ имени Л.К. Эрнста и другие научные учреждения. В работах отечественных ученых показано, что генотипирование STR-локусов позволяет эффективно анализировать генетическую структуру популяций мясного и молочного скота, а также выявлять ошибки происхождения животных (Шуклин, 2021, Zh.Tleulenov и др. 2020).

Аналогичные исследования проводятся при изучении различных пород крупного рогатого скота. Например, в исследованиях по генетической структуре мясных пород установлено, что анализ микросателлитных локусов позволяет выявлять породоспецифические аллели и оценивать уровень генетической изменчивости популяций (Кабицкая, 2024).

Несмотря на широкое распространение STR-генотипирования, в последние годы активно развиваются новые методы геномного анализа, основанные на использовании SNP-маркеров. Однако микросателлитные маркеры по-прежнему остаются одним из основных инструментов генетической идентификации животных благодаря их высокой информативности и сравнительно невысокой стоимости анализа.

Современные исследования также направлены на разработку мультиплексных систем генотипирования, позволяющих одновременно анализировать большое количество микросателлитных локусов, где применение 17-локусной STR-панели позволяет значительно повысить точность установления родства и идентификации животных (Shang et al., 2024).

Таким образом, анализ научной литературы показывает, что генотипирование микросателлитных STR-локусов является одним из наиболее эффективных методов контроля достоверности происхождения крупного рогатого скота. Использование этого метода позволяет значительно повысить точность племенного учета, выявлять ошибки родословных и улучшить эффективность селекционной работы.

## 2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ

### 2.1. Краткая характеристика экспериментальной базы

Костанайская область расположена в северной части Казахстана и на севере граничит с тремя областями Российской Федерации (Оренбургская, Челябинская, Курганская), на юго-западе граничит с Актюбинской областью, на юго-востоке - с Карагандинской областью, на востоке - с Акмолинской и Северо-Казахстанской областями. Площадь территории области составляет 197 тыс. км<sup>2</sup>, при этом протяженность области с севера на юг составляет порядка 800 км, а с запада на восток - более чем 400 км. Костанайская область состоит из 16 административных районов, где областным центром является город Костанай и имеются 5 городов и 245 сельских округов (научно-прикладной справочник АГРОКЛИМАТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ КОСТАНАЙСКОЙ ОБЛАСТИ, 2017).

На территории Костанайской области выделяются лесостепная, степная, сухостепная и полупустынная природные зоны, при этом характеризуется относительно равнинным рельефом. Север области находится в пределах юго-западной окраины Западно-Сибирской равнины, центральная часть занята равнинами Торгайского плато с высотами 200-330 м, которые постепенно понижаются к югу до 150-170 м. Северо-западная окраина области расположена на холмисто-мелкосопочных возвышенных равнинах Зауральского плато, на юго-востоке лежат отроги казахского мелкосопочника (Сарыарка). Абсолютные высоты поверхности Костанайской области колеблются в пределах 360-140 м. наиболее высокими являются Зауральское и Торгайское плато. Северная и восточная части области (предторгайская равнина и Западно-Сибирская низменность) относительно понижены и поверхность здесь имеет уклон к северу (от 240 до 140 м).

В направлении с северо-востока на юго-запад территория Костанайской области пересечена р. Тобол и рядом притоков, стекающих с Зауральского плато и с предгорий Урала. Торгайская ложбина пересекает Костанайскую область от севера до южной границы, где в южной части ложбины протекает река Торгай, которая берет начало на Торгайском плато и несет свои воды на юг, в Шалкар-Тенизскую впадину.

Западная часть представляет собой увалисто-равнинную область Восточного Зауралья, полого понижающая на восток и постепенно переходящая в слабо всхолмленную песчаную степь. Обширная территория области не отличаются большим разнообразием рельефа.

Рассматриваемый регион по геоморфологическому районированию относится к аккумулятивной, денудационной равнине и мелкосопочнику. В геоморфологическом отношении на территории Костанайской области обособляются: Торгайское плато, Костанайская равнина, Южно-Торгайская равнина, Торгайская ложбина, Зауральское плато.

Костанайская область имеет континентальные черты климата с резкими контрастами температуры зимы и лета, дня и ночи. Зима пасмурная, холодная, с устойчивым снежным покровом, с сильными ветрами, метелями, туманами. Лето умеренно жаркое, но сравнительно короткое.

Средняя годовая температура воздуха положительная для всей области и колеблется в пределах  $1-4^{\circ}\text{C}$ . Средняя температура самого холодного месяца (января) составляет  $-15, -17^{\circ}\text{C}$ . В отдельные дни в наиболее суровые зимы температура в области иногда понижается до  $-44^{\circ}\text{C}$  (Кушмурун – до  $-47^{\circ}\text{C}$ ). Самым теплым месяцем является июль, средняя температура которого колеблется по территории области от  $19^{\circ}\text{C}$  на севере до  $24^{\circ}\text{C}$  на юге. В отдельные годы, в особенно жаркие дни, возможно повышение температуры воздуха днем до  $40-45^{\circ}\text{C}$ . Продолжительность теплого периода с температурой воздуха выше нуля составляет в среднем 200-205 дней на севере и 210-218 на юге.

Среднее годовое количество осадков в северо-восточной лесостепной части области составляет более 330 мм. Осадки постепенно к югу убывают до 220 мм и менее. Теплый период (апрель-октябрь) более обеспечен осадками, чем холодный, летом выпадает значительно больше осадков, чем в другие сезоны года.

Средняя годовая скорость ветра в пределах от 3,2 до 5,7 м/с. Годовой максимум ветра по области в пределах 24-35 м/с. Преобладающее направление ветра за год по территории области – юго-западное. Причем в Торгайской долине преобладают северо-восточные ветра.

Денисовский район расположен в северо-западной части Костанайской области и его площадь составляет 6,8 тыс.км<sup>2</sup>. Рельеф района равнинный, расположенный на Зауральском и Торгайском плато. Основная часть территории района расположена в подзоне южных чернозёмов, лишь южная часть относится к зоне тёмно-каштановых почв. На территории района растительность степная (ковыль, полынь, типчак и др.) с березовыми лесами (<https://ru.ruwiki.ru/>).

Исследования проводились в хозяйстве «Крымское» (ранее – совхоз Крымский) Денисовского района Костанайской области, образованного в форме юридического лица в 2000 году в форме товарищества с ограниченной ответственностью, где основным видом деятельности является производство сельскохозяйственной продукции, включая селекцию и выращивание племенного крупного рогатого скота казахской белоголовой породы, производство пшеницы твердых и мягких сортов.

В настоящее время общая площадь земельных угодий составляет порядка 40 000 га, из них сельскохозяйственных угодий 38 000 га, в том числе пашни 23 000 га на которых выращиваются такие культуры как подсолнечник, лен, пшеница, ячмень и кормовые травы, при этом средняя урожайность зерновых культур составляет порядка 14,5 ц/га. Сенокосы занимают площадь 5 тыс. га и благодаря выращиванию однолетних трав хозяйство ежегодно заготавливает порядка 4 тыс. тонн кормов, а площадь пастбищ составляет 6 тыс.га.

ТОО «Крымское» имеет статус «Племхозяйства» с 1985 года и статус «Племзавода» с 13.12.2005 года, входит в состав товарищества с ограниченной ответственностью «Арай-Холдинг» (г. Лисаковск, Костанайская область). Содержание племенного скота в хозяйстве стойлово-пастбищное, где в теплое время года животные выпасаются на пастбищах, а в зимне-стойловый период маточное поголовье содержится в коровниках на привязном содержании (рисунок 5), при этом молодняк содержат беспривязно на открытых выгульных площадках (рисунок 6). В хозяйстве применяют технологию зимнего отела маточного поголовья, что позволяет получать более крепкое потомство и увеличить сохранность телят за счет содержания в помещениях.



Рисунок 5 – Содержание коров в зимний период



Рисунок 6 – Содержание молодняка на открытых площадках

Среднегодовое поголовье крупного рогатого скота свыше 5,8 тыс. голов, в том числе племенное маточное поголовье более 900 голов и ежегодно проводится оценка по собственной продуктивности порядка 100 племенных бычков предназначенных для реализации на племя. Также хозяйство занимается производством мяса и в среднем более 700 тонн в год поставляется на рынки Казахстана и перерабатывается в группе компаний «Арай-Холдинг».

Исследования в рамках диссертационной работы проводились по схемам представленным на рисунках 7 и 8, на животных казахской белоголовой породы, в том числе: быки-производители (n=16), племенные коровы (n=93) и племенные бычки (n=180).

В период проведения научно-хозяйственного опыта под наблюдением находилось 30 голов племенных бычков, опытная группа (n=15) – бычки с достоверным происхождением по заводской генеалогической линии «Ветеран 7880» и контрольная группа (n=15) – сверстники, с достоверным происхождением от племенных быков-производителей иных генеалогических линий и без линейной принадлежности.

Для проведения исследований были отобраны клинически здоровые племенные бычки казахской белоголовой породы, имеющие хорошо развитое телосложение, удовлетворительную упитанность и проходившие оценку по собственной продуктивности, в соответствии с утвержденной методикой (приказ МСХ РК, 2023).



Рисунок 7 – Схема исследований № 1



Рисунок 8 – Схема исследований № 2

## 2.2 Методика проведения исследований

Оценку достоверности происхождения исследуемых животных проводили по данным зоотехнического учета хозяйства и молекулярно-генетическим методом исследования 21 STR-локусов ДНК, включая 12 STR-локусов рекомендованных Международным комитетом регистрации животных (ICAR) (рисунок 9) и дополнительными 9 STR-локусов из панели рекомендованной Международным обществом генетики животных (ISAG) и Продовольственной и сельскохозяйственной организацией Объединенных Наций (FAO 2011).



Annex III

### ICAR Rules and Guidelines for Accreditation of DNA Parentage Testing in Cattle

#### ISAG RECOMMENDED MICROSATELLITES

Locus		Primer Sequence (5' to 3')
<i>BM1824</i>	Forward	GAG CAA GGT GTT TTT CCA ATC
	Reverse	CAT TCT CCA ACT GCT TCC TTG
<i>BM2113</i>	Forward	GCT GCC TTC TAC CAA ATA CCC
	Reverse	CTT CCT GAG AGA AGC AAC ACC
<i>INRA023</i>	Forward	GAG TAG AGC TAC AAG ATA AAC TTC
	Reverse	TAA CTA CAG GGT GTT AGA TGA ACT C
<i>SPS115</i>	Forward	AAA GTG ACA CAA CAG CTT CTC CAG
	Reverse	AAC GAG TGT CCT AGT TTG GCT GTG
<i>TGLA122</i>	Forward	CCC TCC TCC AGG TAA ATC AGC
	Reverse (1)	AAT CAC ATG GCA AAT AAG TAC ATA C
	Reverse (2) *	AAT CAC ATG GCA AAT AAG TAC ATA
<i>TGLA126</i>	Forward	CTA ATT TAG AAT GAG AGA GGC TTC T
	Reverse	TTG GTC TCT ATT CTC TGA ATA TTC C
<i>TGLA227</i>	Forward	CGA ATT CCA AAT CTG TTA ATT TGC T
	Reverse	ACA GAC AGA AAC TCA ATG AAA GCA
<i>ETH10</i>	Forward	GTT CAG GAC TGG CCC TGC TAA CA
	Reverse	CCT CCA GCC CAC TTT CTC TTC TC
<i>ETH225</i>	Forward	GAT CAC CTT GCC ACT ATT TCC T
	Reverse	ACA TGA CAG CCA GCT GCT ACT
<i>BM1818</i>	Forward	AGC TGG GAA TAT AAC CAA AGG
	Reverse	AGT GCT TTC AAG GTC CAT GC
<i>ETH3</i>	Forward	GAA CCT GCC TCT CCT GCA TTG G
	Reverse	ACT CTG CCT GTG GCC AAG TAG G
<i>TGLA53</i>	Forward	GCT TTC AGA AAT AGT TTG CAT TCA
	Reverse	ATC TTC ACA TGA TAT TAC AGC AGA

Рисунок 9 - Перечень маркеров микросателлитов, рекомендованных ICAR для подтверждения происхождения крупного рогатого скота

Для проведения исследований ДНК животных наиболее удобными объектами являются кровь, сперма, волосяные луковицы и образцы тканей (Charlesworth, 1994). Нами были выбраны волосы животных, так как это процедура является менее трудоемкой и не вызывает стресса у животных. Методика отбора волос значительно упрощена и не представляет опасности для человека и животного. Отбор биологических образцов осуществлялся в соответствии с патентом Республики Казахстан на полезную модель № 5749 от 09.11.2020г. «Конверт для сбора волос, способ его изготовления и использования» (приложение А).

Пробоподготовка биологических образцов включала себя очистку от механических примесей и фекалий, промывание в дистиллированной воде и обеззараживание в 96% растворе этанола (рисунок 10).



Рисунок 10 - Пробоподготовка биологических образцов

Вместе с тем, биологические образцы были подвергнуты обеззараживанию в термостате при 72<sup>0</sup>С в течение 30 минут, что обеспечивает уничтожение бактериальных и вирусных патогенов.

Хранение биологических образцов осуществлялось при комнатной температуре и без дополнительного охлаждающего оборудования и специальных условий хранения. Транспортировка образцов в генетическую лабораторию осуществлялось в строгом соответствии с ветеринарным законодательством Республики Казахстан (приказ МСХ РК, 2015). Важно было осуществить доставку образцов в лабораторию в течение не более 1 месяца, т.к. происходит естественная усушка волос и возможны выпадения части

фолликулов, в которых содержится ДНК. Доставку биологических образцов осуществляли по средствам услуги курьерской компании DHL в соответствии с установленными международными правилами и нормами.

Генотипирование ДНК проводилось в Лаборатории Генетики животных университета Квинсленда (Австралия, Гаттон) на собственном оборудовании и в соответствии с методиками GeneSeek (США). Животные были генотипированы с помощью 21 полиморфных динуклеотидных микросателлитных локусов, выбранные из панели 30 маркеров. Мультиплексную ПЦР проводили в общем объеме 12 мкл, содержащая в себе 10-20 нг ДНК, прямой и обратный праймеры, имеющие различные концентрации и 0,12 мкл Tag Kappa (GENEWORKS, Аделаид, Австралия).

ПЦР-амплификацию проводили на термоциклире Applied Biosystems, при следующих параметрах: 950 С в течении 3 минут, 35 циклов при 940 С в течении 45 сек, 580 С в течении 45 с и 720 С в течении 1 мин 30 сек, затем 72 С в течении 10 мин и выдерживали при 40 С.

Генотипы были определены на анализаторе Applied Biosystems/ Hitachi 3130xL и проанализированы в Genemapper V 3.7 (Applied Biosystems) с использованием Лиз-500 стандартного размера (Applied Biosystems) (NRC, 1996).

Работа выполнена в лаборатории генетики животных The University of Queensland (Австралия) и осуществлялась в рамках грантового проекта Комитета науки Министерства науки и образования Республики Казахстан №2745/ГФЗ «Создание отечественной базы данных генотипированных образцов ДНК мясных и молочных пород». Основанием для выбора лаборатории генетики животных The University of Queensland (Австралия) послужили участие доктора Russell E Lyons и наличие у лаборатории Международного сертификата ISAG.

Исследование генетической структуры популяции бычков проводили на основе анализа полиморфизма STR-локусов, широко применяемых в генетике сельскохозяйственных животных для оценки генетического разнообразия,

родства и внутривидовой структуры. Полученные генотипические данные использовали для расчета частот аллелей и основных показателей генетической изменчивости.

Частоту встречаемости аллели ( $p_i$ ) в выборке определяли как относительную долю копий данной аллели среди общего числа аллелей:

$$p_i = \frac{n_i}{2N}, \quad (1)$$

где  $n_i$  — число выявленных копий  $i$ -й аллели,  $N$  — число исследованных особей. Биологический смысл показателя заключается в количественной характеристике распространённости конкретного аллельного варианта в популяции. Чем выше значение  $p_i$ , тем больший вклад данная аллель вносит в генетическую структуру исследуемой группы (Vorowsky, 2001).

Для характеристики аллельного разнообразия рассчитывали эффективное число аллелей ( $N_e$ ):

$$N_e = \frac{1}{\sum p_i^2} \quad (2)$$

Показатель представляет собой обратную величину индекса гомозиготности и отражает число эквивалентных по частоте аллелей, которые обеспечивали бы наблюдаемый уровень разнообразия. При равномерном распределении частот  $N_e$  возрастает, что свидетельствует о высоком генетическом разнообразии. Снижение значения  $N_e$  указывает на преобладание отдельных аллелей и возможный регресс генофонда (Brown и др. 1983).

Наблюдаемую гетерозиготность ( $H_o$ ) определяли как долю гетерозиготных генотипов среди всех проанализированных особей:

$$H_o = \frac{h_{het}}{n}, \quad (3)$$

где  $h_{het}$  — число гетерозиготных генотипов по конкретному STR-локусу,  $n$  — общее число генотипов. Показатель характеризует фактическую степень генетической вариабельности и отражает реальный уровень гетерозиготности в популяции (Hartl и др., 1997).

Ожидаемую гетерозиготность ( $H_e$ ) рассчитывали исходя из предположения случайного скрещивания и соблюдения равновесия Харди–Вайнберга:

$$H_e = 1 - \sum p_i^2 \quad (4)$$

Данный показатель отражает вероятность того, что две случайно выбранные аллели окажутся различными. Сравнение  $H_o$  и  $H_e$  позволяет выявить отклонения и оценить влияние инбридинга на структуру популяции (Hartl и др., 1997).

Степень отклонения наблюдаемой гетерозиготности от ожидаемой оценивали с использованием индекса фиксации Райта ( $F_{IS}$ ):

$$F_{IS} = \frac{H_e - H_o}{H_e} \quad (5)$$

Положительные значения  $F_{IS}$  свидетельствуют о дефиците гетерозигот и возможном инбридинге, отрицательные значения указывают их избыток. Биологически показатель отражает уровень внутривидовой генетической дифференциации и неслучайного скрещивания (Weir и др. 1984, Петров А.Ф., Камалдинов Е.В. 2024).

Информативность STR-маркеров оценивали по величине информационного полиморфизма (PIC):

$$PIC = 1 - \sum p_i^2 \quad (6)$$

где  $p$  - частота аллеля  $j$  для локуса  $i$ . Показатель характеризует диагностическую ценность локуса и вероятность различия генотипов двух случайно выбранных особей (Nagy и др. 2012, Чесноков Ю.В. и др. 2015).

Соответствие распределения генотипов равновесию Харди–Вайнберга проверяли методом  $\chi^2$  Пирсона:

$$\chi^2 = \sum \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} \quad (7)$$

где  $O_i$  — наблюдаемое число генотипов,  $E_i$  — ожидаемое число генотипов, рассчитанное на основе аллельных частот. Критерий использовали для выявления статистически значимых отклонений, обусловленных инбридингом, отбором, миграцией или дрейфом генов (Graffelman, Weir, 2016).

Статистическую обработку данных выполняли с использованием специализированных программных пакетов популяционной генетики. Расчет частот аллелей,  $H_o$ ,  $H_e$ ,  $A_e$ ,  $F_{IS}$ , а также базовых F-статистик осуществляли в программе GenAlEx 6.5 (Peakall, Smouse, 2012), функционирующей в среде Microsoft Excel.

Расчет дисперсионных компонентов выполняли на основе матрицы аллельных различий. В результате определяли степень генетической дифференциации между группами животных ( $F_{ST}$ ):

$$F_{ST} = \frac{\sigma_{among}^2}{\sigma_{total}^2}, \quad (8)$$

где  $\sigma_{among}^2$  — межпопуляционная дисперсия,  $\sigma_{total}^2$  — общая дисперсия.

Значение  $F_{ST}$  равное 0–0,05 свидетельствуют о слабой дифференциации, 0,05–0,15 — умеренной, >0,15 — выраженной.

Статистическую значимость различий оценивали при уровне достоверности  $P < 0,05$ . Все расчёты проводили с перекрестной проверкой результатов между программами для повышения надежности выводов.

Для определения родства и подтверждения происхождения животного по профилю длин повторов микросателлитов ДНК по известным аллельным участкам, было применено два методических подхода, реализованных в Базе данных:

1) наиболее широко применяемый метод прямого сравнения аллель пары животных потенциальных родственников: отец - потомок (Charlesworth, 1994, Jeffreys, 1998);

2) вычисление вероятности случайного совпадения генетических маркеров с учетом их распределением в популяции, с порогом вероятности не ниже 0,9997 для статистически значимого подтверждения родства. Расчет вероятности осуществлялся так называемым «правилом произведения» ("product rule", "multiplication rule") (Charlesworth 1994, NRC 1996, Jeffreys 1998, Brenner 1994):

$$R = \prod_{i=1}^N r_i \quad (9),$$

где  $r_i$  – локальные статистические частоты для каждого из исследованных локусов из общего их числа  $N$ , и вычисляется как:

$$r_i = 2p_i - p_i^2 \quad (10),$$

где  $p_i$  – частота соответствующей  $i$ -ой аллели в популяции.

Такой подход аналогичен методам определения биологического родства и подтверждения отцовства применяемым в судебно-медицинских экспертизах (Strand и др. 1993, Brenner 1983), поскольку в обоих случаях оперируют результатами молекулярно-генетического анализа ДНК по специальным маркерам микросателлитов. Различия в этих подходах только в самих аллелях и характерных маркерах микросателлитов для крупного рогатого скота.

Комбинация этих двух методов позволила определить пороговую величину вероятности при которой, при совпадающих значений длин микросателлитных локусов между сравниваемыми на родство животными, с 95% статистической значимостью можно принять родственность этих животных.

Результаты генотипирования ДНК внесены в разработанную «Базу данных генотипированных образцов ДНК мясных и молочных пород» (приложение Б). База данных построена на основе современных технологий Microsoft .NET Framework 4.0, ASP.NET 4.0, IIS 7.5, Microsoft SQL Server 2008 R2. Интерфейс базы функционирует в режиме online (через сеть Интернет), что позволяет иметь доступ к данной базе из любой точки мира. Также, веб-ориентированный подход в работе базы позволяет сделать её доступной для множества заинтересованных сторон. База данных имеет тесную интеграцию с ИАС (<https://plem.kz>), что позволяет использовать результаты ДНК при ведении селекционной и племенной работы для подтверждения отцовства племенных животных.

Контроль за ростом и развитием осуществляли путем измерения живой массы с применением электронных весов в возрасте 6, 8-15 месяцев утром перед кормлением. Полученные данные служили основой для установления

среднесуточных приростов живой массы, относительной и абсолютной скорости роста по периодам выращивания.

Изучение динамики линейного роста в возрасте 15 месяцев осуществляли путем измерения одиннадцати промеров статей экстерьера (рисунок 11), в том числе: длина головы, высота в холке, высота в крестце, глубина груди, косая длина туловища, ширина груди за лопатками, ширина зада в маклаках, обхват груди за лопатками, обхват пясти, ширина зада в седалищных буграх и обхват мошонки. На основе показателей промеров статей экстерьера вычисляли индексы телосложения: длинноногости, растянутости, тазо-грудной, грудной, сбитости, перерослости, шилозадости, костистости и большеголовости.



Рисунок 11 – Измерения промеров статей экстерьера

Мясную продуктивность бычков оценивали методом контрольного убоя: в возрасте 15 месяцев из каждой группы отбирали по три головы и проводили убой в соответствии с действующей методикой ВИЖ. В ходе исследования определяли съёмную и предубойную живую массу, убойную массу и убойный выход, кроме того, проводили анализ морфологического и химического состава мяса.

Морфологический состав туш определяли путём обвалки левых полутуш с разделением их на пять естественно-анатомических частей. Шейную часть отделяли по границе между последним (седьмым) шейным и первым грудным позвонками. Плече-лопаточную часть, включающую переднюю конечность вместе с плечевой костью и лопаткой, отделяли от рёберной части туловища по линии фасции. Рёберную часть выделяли с включением последнего (13-го) ребра грудной клетки и грудины. Поясничную часть с пашиной отделяли по границе последнего (шестого) поясничного позвонка. Тазобедренную часть выделяли вместе с крестцом (пять сросшихся крестцовых позвонков) и двумя хвостовыми позвонками.

Качество говядины оценивали путем изучения химического состава длиннейшей мышцы спины (*musculus longissimus dorsi*), анализируя основные компоненты, включая содержание белка, жира, влаги и золы, которые считаются информативными индикаторами пищевой ценности и качества мясной продукции (Prado и др. 2009, Харламов и др. 2014).

Кормление экспериментальных животных осуществляли в соответствии с нормами кормления ВИЖ, с учётом возраста, живой массы, физиологического состояния животных и технологических условий хозяйства.

Экономическую эффективность выращивания племенных бычков оценивали на основе фактически понесённых затрат на кормление, содержание и уход за животными, сопоставляя их с достигнутыми продуктивными показателями (прирост живой массы, убойные качества и др.) для расчёта уровня рентабельности производства. В современных исследованиях под экономической эффективностью понимают соотношение между затратами на выращивание и конечными экономическими результатами, включая оценку себестоимости продукции и показателей прибыльности, что позволяет выявлять ключевые факторы, влияющие на обоснованность затрат и прибыльность животноводческой технологии (Шундалов 2018, Khunchaikarn и др. 2022, Ojo и др. 2024, Terry 2020, Dixon 2022).

Полученный экспериментальный материал обработан методом вариационной статистики по методике Е.К.Меркурьевой, Н.А.Плохинского на персональном компьютере с применением Microsoft Excel. Критерий достоверности устанавливали по Стьюденту.

### **3. РЕЗУЛЬТАТЫ СОБСТВЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ**

#### **3.1 Исследование происхождения методом ДНК-типирования STR-локусов**

Одним из основных направлений исследований было изучение молекулярно-генетического метода оценки достоверности происхождения племенных животных, рекомендованный международными организациями. В ТОО «Крымское» содержание коров пастбищно-стойловое в гуртах до 200 голов с использованием в случной период до 15 племенных быков-производителей в стаде, что зачастую приводит к проблеме достоверного определения происхождения молодняка, так как потенциальными отцами могут выступать несколько быков-производителей, использовавшихся в хозяйстве. В этой связи, для проведения оценки племенной ценности молодняка мясных пород, требуется иметь достоверные данные о происхождении животного, так как это напрямую связано с генетической ценностью молодых животных.

Научные исследования доказали, что, используя данные генотипирования образцов ДНК молодых животных и информацию об их геноме, можно определить происхождение теленка с 99,97 % долей достоверности. Это намного лучше, чем использование записей о родителях в производственных журналах, при котором достоверность информации не превышает 30-40 % (Браде 2011).

Вместе с тем, в соответствии с законодательством Республики Казахстан в области племенного животноводства, к 1-й категории племенных животных относятся животные с наличием генетического профиля происхождения. В этой связи биотехнологические услуги оценки происхождения крупного рогатого скота стали востребованными на рынке Казахстана.

В ходе проведения исследований был произведен отбор биологических образцов (волос с фолликулами) в количестве 289 образцов, в том числе быков-производителей – 16 голов, племенных коров – 93 головы и племенных бычков – 180 голов. Все биологические образцы были исследованы методом

генотипирования 21 STR-локусов ДНК в Лаборатории генетики Университета Квинсленд (Австралия). Полученные результаты генетических профилей исследуемых животных внесены в базу данных ИАС (<https://plem.kz/>).

### 3.1.1 Изучение аллельного состава и генетической изменчивости популяции казахской белоголовой породы

В результате проведенных исследований ДНК был проведен анализ и изучены распределения длин повторов микросателлитов в исследуемой выборке (n=289). Результаты освещены по 12-ти основным STR-локусам ISAG/ICAR и 9-ти дополнительным STR-локусам ISAG/FAO в таблице 1 и 2.

Таблица 1 - Распределение длин повторов по 12 микросателлитным локусам, рекомендованных ISAG/ICAR

Маркер	Длина	P <sub>i</sub>			Маркер	Длина	P <sub>i</sub>		
		быки (n=16)	коровы (n=93)	бычки (n=180)			быки (n=16)	коровы (n=93)	бычки (n=180)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
BM1818	258	0,000	0,000	0,003	BM1824	178	0,125	0,215	0,269
	260	0,094	0,102	0,111		180	0,156	0,145	0,106
	262	0,469	0,430	0,461		182	0,531	0,312	0,336
	264	0,031	0,065	0,053		186	0,000	0,022	0,006
	266	0,375	0,366	0,344		188	0,094	0,215	0,197
	268	0,031	0,032	0,022		190	0,063	0,059	0,050
	270	0,000	0,005	0,006	192	0,031	0,032	0,036	
ETH225	140	0,281	0,242	0,242	INRA023	198	0,000	0,027	0,011
	142	0,000	0,005	0,000		200	0,000	0,000	0,003
	144	0,063	0,059	0,117		202	0,000	0,022	0,008
	146	0,094	0,113	0,081		206	0,313	0,199	0,186
	148	0,219	0,247	0,197		208	0,188	0,113	0,167
	150	0,219	0,269	0,300		210	0,000	0,000	0,006
	152	0,094	0,032	0,056		212	0,000	0,011	0,008
	154	0,031	0,022	0,006		214	0,500	0,624	0,608
	158	0,000	0,011	0,003		218	0,000	0,005	0,003

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
BM2113	125	0,063	0,113	0,117	SPS115	248	0,156	0,328	0,217
	127	0,125	0,081	0,114		250	0,000	0,005	0,003
	131	0,000	0,032	0,008		252	0,156	0,113	0,106
	133	0,094	0,048	0,083		254	0,063	0,059	0,050
	135	0,094	0,220	0,181		256	0,156	0,108	0,158
	137	0,156	0,172	0,144		258	0,031	0,000	0,006
	139	0,344	0,220	0,231		260	0,344	0,344	0,425
	141	0,063	0,102	0,119		261	0,094	0,043	0,036
	143	0,063	0,011	0,003		139	0,000	0,022	0,000
ETH10	213	0,000	0,011	0,003	TGLA122	141	0,094	0,038	0,053
	215	0,063	0,102	0,078		143	0,281	0,435	0,389
	217	0,406	0,263	0,336		147	0,063	0,048	0,039
	219	0,281	0,301	0,275		151	0,094	0,054	0,103
	221	0,219	0,290	0,297		153	0,000	0,016	0,019
	223	0,000	0,005	0,000		155	0,000	0,000	0,008
	225	0,031	0,027	0,011		157	0,000	0,000	0,011
TGLA126	113	0,000	0,005	0,000	TGLA122	161	0,313	0,263	0,219
	115	0,344	0,296	0,333		167	0,000	0,000	0,003
	117	0,406	0,376	0,361		169	0,000	0,000	0,025
	119	0,031	0,054	0,039		173	0,000	0,005	0,003
	121	0,094	0,161	0,178		177	0,031	0,011	0,003
	123	0,125	0,108	0,089		179	0,000	0,005	0,000
TGLA227	77	0,000	0,005	0,003	TGLA53	183	0,125	0,097	0,125
	79	0,000	0,032	0,053		187	0,000	0,005	0,000
	81	0,094	0,102	0,081		154	0,156	0,099	0,112
	83	0,063	0,118	0,067		160	0,031	0,099	0,159
	87	0,063	0,027	0,033		162	0,281	0,203	0,207
	89	0,219	0,215	0,239		164	0,031	0,022	0,003
	91	0,375	0,274	0,311		166	0,000	0,011	0,008
	93	0,125	0,151	0,133		168	0,031	0,077	0,073
	97	0,063	0,070	0,072		170	0,063	0,082	0,078
	101	0,000	0,005	0,006		172	0,406	0,352	0,321

продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
TGLA227	103	0,000	0,000	0,003	TGLA53	176	0,000	0,011	0,003
ETH3	115	0,031	0,000	0,011		178	0,000	0,005	0,003
	117	0,625	0,712	0,706		180	0,000	0,022	0,014
	119	0,125	0,158	0,158		182	0,000	0,000	0,003
	121	0,031	0,005	0,019		186	0,000	0,016	0,014
	123	0,000	0,022	0,003		196	0,000	0,000	0,003
	125	0,125	0,038	0,050					
	127	0,063	0,065	0,050					
	129	0,000	0,000	0,003					

Таблица 2 - Распределение длин повторов по 9 дополнительным микросателлитным локусам ISAG/FAO

Маркер	Длина	p <sub>i</sub>			Маркер	Длина	p <sub>i</sub>		
		быки (n=16)	коровы (n=93)	бычки (n=180)			быки (n=16)	коровы (n=93)	бычки (n=180)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
CSSM022	217	0,000	0,032	0,011	TGLA57	86	0,000	0,038	0,014
	219	0,031	0,086	0,078		90	0,313	0,296	0,297
	221	0,438	0,387	0,319		92	0,031	0,000	0,000
	223	0,000	0,000	0,011		94	0,000	0,005	0,000
	225	0,344	0,323	0,350		96	0,344	0,425	0,456
	227	0,188	0,151	0,211		98	0,031	0,032	0,042
	229	0,000	0,022	0,019		100	0,250	0,161	0,172
AGLA293	220	0,031	0,097	0,097		102	0,031	0,043	0,017
	222	0,000	0,000	0,006		104	0,000	0,000	0,003
	224	0,031	0,005	0,006		CSSM016	155	0,000	0,005
	226	0,281	0,301	0,325	159		0,000	0,005	0,003
	228	0,000	0,000	0,003	161		0,000	0,000	0,003
	230	0,500	0,505	0,431	165		0,000	0,027	0,025
	232	0,000	0,022	0,031	167		0,250	0,231	0,183
	234	0,156	0,043	0,056	169		0,063	0,097	0,075

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
AGLA293	236	0,000	0,022	0,039	CSSM016	171	0,219	0,382	0,381	
	240	0,000	0,005	0,008		173	0,063	0,113	0,142	
CSSM036	163	0,188	0,167	0,175		175	0,406	0,118	0,178	
	165	0,000	0,005	0,003		183	0,000	0,000	0,003	
	171	0,000	0,005	0,014		185	0,000	0,022	0,008	
	173	0,156	0,183	0,136		RM067	90	0,125	0,113	0,100
	175	0,000	0,022	0,014			92	0,000	0,005	0,011
	177	0,094	0,075	0,100			94	0,469	0,452	0,531
	179	0,188	0,317	0,264			96	0,000	0,005	0,000
	181	0,313	0,177	0,225			98	0,031	0,005	0,011
	185	0,063	0,048	0,069	100		0,000	0,000	0,003	
MGTGBG4	131	0,000	0,022	0,014	INRA 005		102	0,344	0,403	0,306
	133	0,000	0,005	0,000			104	0,031	0,016	0,036
	135	0,031	0,108	0,086			106	0,000	0,000	0,003
	137	0,125	0,081	0,067		135	0,063	0,086	0,150	
	139	0,281	0,258	0,231	TGLA263	137	0,563	0,543	0,517	
	141	0,031	0,011	0,017		139	0,375	0,371	0,333	
	143	0,031	0,065	0,025		106	0,156	0,156	0,144	
	145	0,250	0,290	0,344		112	0,000	0,038	0,022	
	147	0,156	0,070	0,100		116	0,000	0,011	0,022	
	149	0,000	0,000	0,003		118	0,406	0,425	0,475	
151	0,094	0,091	0,114	120	0,406	0,349	0,308			
						122	0,031	0,022	0,028	

В таблицах 1 и 2 представлено распределение длин микросателлитных повторов по 21 STR-локусу, рекомендованных международными организациями ISAG/ICAR и ISAG/FAO для генетической идентификации и оценки генетического разнообразия крупного рогатого скота. Анализ проводился в трёх выборках животных: племенные быки-производители (n=16), племенные коровы (n=93) и племенные бычки (n=180).

Полученные результаты свидетельствуют о высокой аллельной вариабельности большинства исследованных локусов. Аналогичные закономерности отмечены в многочисленных исследованиях генетического разнообразия популяций крупного рогатого скота, где STR-маркеры панели ISAG характеризуются высоким уровнем полиморфизма и информативности для анализа генетической структуры популяций и проверки происхождения животных (S. Shang и др., 2024).

В частности, локусы BM1818, ETH225, TGLA122, TGLA126, SPS115 и INRA023 относятся к наиболее информативным микросателлитам, используемым для оценки генетического разнообразия и контроля достоверности происхождения крупного рогатого скота (Stevanov-Pavlović M. и др., 2015).

Полученные результаты показывают значительную аллельную вариабельность исследованных локусов. Из представленных в таблице 1 основных 12 STR-локусов рекомендованных ISAG/ICAR, число аллелей на локус составляет от 6 до 16, при этом максимальное количество аллелей наблюдается по локусам TGLA122 (16 аллелей) и TGLA53 (14 аллелей), а минимальное количество наблюдается в локусе TGLA126 (6 аллелей), что соответствует данным международных исследований, где эти локусы характеризуются высоким уровнем полиморфизма и широко используются для генетической идентификации КРС.

Вместе с тем, по дополнительным 9 STR-локусам ISAG/FAO, указанных в таблице 2, число аллелей на локус составило от 3 до 11, где наименьшее число аллелей наблюдается по локусу INRA005 и вероятность встретить микросателлитный локус с доминирующей аллелью 137 и 139 составляет 54,1% и 36% соответственно, при этом эти значения не внесут большого вклада в повышение степени определения достоверности происхождения. Подобное распределение аллелей для данного локуса отмечено в работах, посвящённых анализу генетического разнообразия пород крупного рогатого скота Европы и Азии (Maudet и др., 2002; Radko и др., 2005).

Для локуса ETH225 выявлены аллели длиной 140–158 п.н., среди которых наиболее распространёнными являются аллели 148 и 150 п.н. Сходные результаты распределения аллелей данного локуса описаны в исследованиях генетической структуры популяций крупного рогатого скота в различных странах (Li и др., 2007; Vaiman и др., 1994).

Высокая аллельная вариабельность также отмечена для локуса TGLA122, где зарегистрирован широкий диапазон длин повторов (139–179 п.н.). Наиболее часто встречающимися оказались аллели 143, 147 и 151 п.н. Подобная картина полиморфизма данного маркера была отмечена в исследованиях генетической дифференциации пород крупного рогатого скота, где TGLA122 относится к наиболее информативным STR-локусам (Barker и др., 2001).

В группе дополнительных микросателлитных маркеров (таблица 2) значительная вариабельность выявлена для локусов CSRM60, RM067, CSSM016 и TGLA126. Так, для локуса CSRM60 обнаружены аллели длиной 155–185 п.н., при этом максимальная частота наблюдается у аллелей 171–175 п.н. Подобное распределение частот аллелей отмечено в исследованиях генетической структуры различных пород крупного рогатого скота (Sodhi и др., 2006).

Для локуса TGLA126 также выявлен широкий диапазон аллельных вариантов (106–122 п.н.), что свидетельствует о высоком уровне генетического полиморфизма данного маркера. Аналогичные результаты получены в исследованиях генетического разнообразия пород крупного рогатого скота Европы и Азии, где данный локус характеризуется высоким значением PIC и эффективностью при анализе генетической структуры популяций (Kantanen и др., 2000).

В целом полученные данные свидетельствуют о том, что исследованные STR-локусы обладают высоким уровнем полиморфизма и информативности, что подтверждает их пригодность для генетической идентификации животных, анализа происхождения и оценки генетического разнообразия популяций

крупного рогатого скота. Подобные выводы неоднократно подтверждались в международных исследованиях, посвящённых применению микросателлитных маркеров в генетике сельскохозяйственных животных (FAO, 2011; ISAG, 2020).

На рисунке 12 представлены частоты встречаемости ( $p_i$ ) гомозиготных аллелей по 21 микросателлитным локусам.

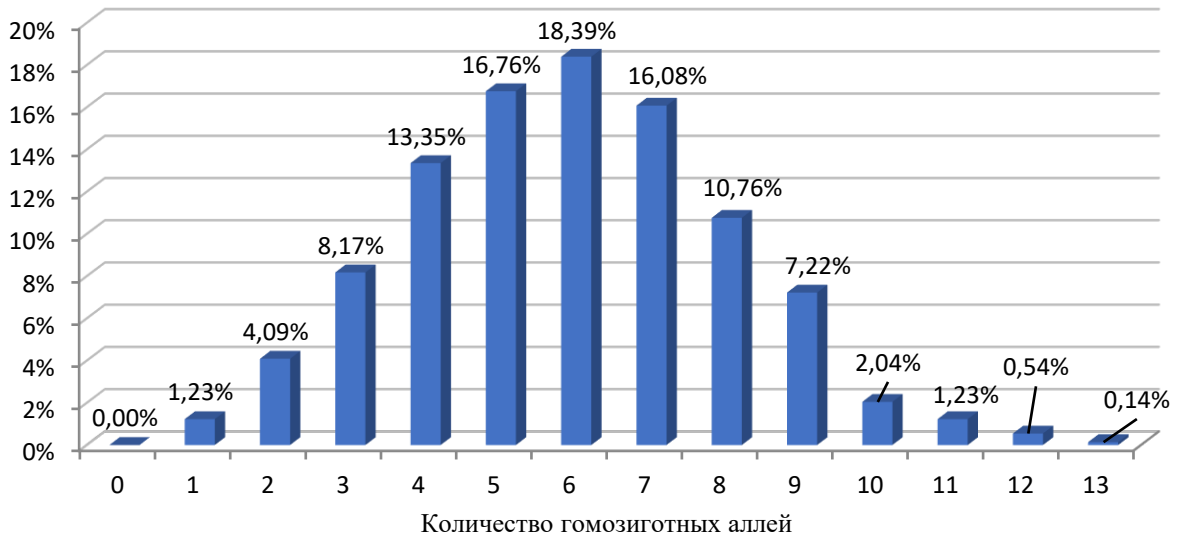


Рисунок 12 - Распределение гомозиготных аллелей по 21 STR-локусам ДНК казахской белоголовой породы

Как представлено на рисунке 12, высокая частота встречаемости гомозиготности по аллелям отрицательно сказывается на надежности подтверждения происхождения, при этом в случаях включения ДНК профиля матери тестируемого животного, эти аллели не дают вариаций и не снижают уровень возникающих ложноположительных родственных связей, что также согласуется с методом разведения по линиям.

Анализ данных 21 STR-локусов ДНК популяции казахской белоголовой породы ( $n=289$ ), включая распределения значений количества аллелей на локус ( $N_a$ ), эффективного числа аллелей ( $N_e$ ), наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой гетерозиготности ( $H_e$ ), индекса фиксации Райта ( $F_{IS}$ ) и степени генетической дифференциации между группами животных ( $F_{ST}$ ), представлен в таблице 3.

Таблица 3 - Оценка генетического состояния популяции казахской белоголовой породы (n=289)

Показатели	Количество аллелей	Количество эффективных аллелей	Наблюдаемая гетерозиготность	Ожидаемая гетерозиготность
	Na	Ne±m	Ho±m	He±m
BM1818	7	2,86±0,09	0,621±0,037	0,649±0,011
BM1824	7	3,93±0,49	0,724±0,051	0,736±0,037
ETH225	9	4,86±0,10	0,758±0,008	0,794±0,004
INRA023	9	2,39±0,11	0,544±0,022	0,581±0,019
BM2113	9	6,02±0,35	0,836±0,013	0,833±0,010
SPS115	8	4,17±0,35	0,695±0,071	0,757±0,019
ETH10	7	3,60±0,16	0,726±0,030	0,721±0,012
TGLA122	16	4,20±0,30	0,775±0,019	0,759±0,018
TGLA126	6	3,50±0,14	0,702±0,032	0,713±0,011
TGLA227	11	5,12±0,37	0,798±0,026	0,803±0,015
ETH3	9	2,03±0,15	0,548±0,071	0,502±0,035
TGLA53	15	4,59±0,48	0,788±0,016	0,777±0,026
CSSM022	7	3,34±0,23	0,674±0,089	0,698±0,022
INRA005	3	2,31±0,10	0,701±0,064	0,566±0,018
TGLA57	9	3,32±0,15	0,742±0,036	0,698±0,014
CSSM016	11	4,00±0,23	0,691±0,034	0,748±0,016
RM067	9	2,68±0,07	0,684±0,064	0,626±0,009
AGLA293	10	2,96±0,15	0,667±0,027	0,660±0,017
CSSM036	9	5,08±0,17	0,815±0,037	0,803±0,006
MGTGBG4	11	5,11±0,16	0,820±0,028	0,804±0,006
TGLA263	6	2,92±0,07	0,633±0,004	0,657±0,008
Итого:	8,95	3,76±0,14	0,712±0,013	0,709±0,011

По данным таблицы 3 видны разнообразия в количествах длин повторов между микросателлитными локусами, где наблюдается 186 аллелей в 21 STR-локусах. Анализ показал, что среднее число аллелей на локус ( $N_a$ ) составило 8,95, что свидетельствует о высоком уровне аллельного разнообразия. Наиболее полиморфным оказался локус TGLA122 ( $N_a = 16$ ), тогда как минимальное количество аллелей выявлено у INRA005 ( $N_a = 3$ ). Среднее число эффективных аллелей ( $N_e$ ) составило  $3,76 \pm 0,14$ , что отражает реальное распределение частот аллелей и степень их равномерности. Максимальные значения  $N_e$  отмечены для локусов BM2113 ( $6,02 \pm 0,35$ ), TGLA227 (5,12), MGTGBG4 (5,11) и CSSM036 (5,08), что указывает на их высокую диагностическую информативность и равномерное распределение аллелей в популяции. Средняя наблюдаемая гетерозиготность ( $H_o$ ) составила  $0,712 \pm 0,013$ , а ожидаемая гетерозиготность ( $H_e$ ) -  $0,709 \pm 0,011$ , что свидетельствует о высокой генетической вариабельности исследуемого стада. Близость значений  $H_o$  и  $H_e$  указывает на отсутствие выраженного дефицита гетерозигот и, следовательно, на низкий уровень инбридинга. Отдельные локусы (BM2113, TGLA227, CSSM036, MGTGBG4) демонстрируют повышенные значения гетерозиготности ( $H_o > 0,8$ ), что характерно для высокополиморфных STR-маркеров, используемых в популяционно-генетических исследованиях крупного рогатого скота. Низкие показатели  $N_a$  и  $N_e$  для локуса INRA005 могут быть обусловлены либо сниженной вариабельностью данного маркера в породе, либо особенностями исторического формирования генофонда.

В целом, распределение показателей свидетельствует о стабильном генетическом состоянии популяции, что оказывает влияние на итоговую величину вероятности при расчетах подтверждения достоверности происхождения статистическими подходами, где имеет смысл работать с микросателлитными локусами, имеющими большое разнообразие повторов, стабильно передающихся потомству. Вместе с тем высокое аллельное

разнообразие указывает на генетическое разнообразие и устойчивость популяции (Nei 1973).

Индекс фиксации Райта (Fis) и степень генетической дифференциации между популяциями (Fst), распределения генотипов равновесию Харди–Вайнберга ( $\chi^2$ ) и величина информационного полиморфизма (PIC) представлены в таблице 4.

Таблица 4. Оценка генетической структуры популяции казахской белоголовой породы (n=289)

Показатели	Индекс фиксации Райта	Степень генетической дифференциации	Информативность STR-маркеров	$\chi^2$ Пирсона	
	Fis	Fst	PIC	ChiSq	P
BM1818	0,043	0,001	0,649	0,621	
BM1824	0,017	0,022	0,736	0,724	
ETH225	0,045	0,004	0,794	0,758	
INRA023	0,063	0,013	0,581	0,544	
BM2113	-0,003	0,011	0,833	0,836	*
SPS115	0,082	0,011	0,757	0,695	
ETH10	-0,006	0,007	0,721	0,726	
TGLA122	-0,021	0,010	0,759	0,775	
TGLA126	0,015	0,003	0,713	0,702	
TGLA227	0,006	0,004	0,803	0,798	*
ETH3	-0,092	0,007	0,502	0,548	***
TGLA53	-0,015	0,009	0,777	0,788	***
CSSM022	0,033	0,006	0,698	0,674	
INRA005	-0,239	0,004	0,566	0,701	**
TGLA57	-0,064	0,006	0,698	0,742	
CSSM016	0,076	0,031	0,748	0,691	
RM067	-0,093	0,005	0,626	0,684	
AGLA293	-0,010	0,008	0,660	0,667	*
CSSM036	-0,015	0,008	0,803	0,815	
MGTGBG4	-0,020	0,007	0,804	0,820	
TGLA263	0,038	0,004	0,657	0,633	
Total	-0,004	0,009	0,709	-	-

Анализ генетической структуры популяции казахской белоголовой породы показал отсутствие выраженного инбридинга (средний  $F_{is} = -0,004$ ), избыток гетерозигот наблюдаемый по локусам INRA005 ( $-0,239$ ), ETH3 ( $-0,092$ ), RM067 ( $-0,093$ ) указывает на достаточно устойчивую генетическую структуру стада и слабую степень внутривидовой дифференциации ( $F_{st} = 0,009$ ), где все значения  $< 0,05$ , что свидетельствует о генетически однородной популяции, без выраженной субструктуры (Wright 1978). Среднее значение PIC составило 0,709, что свидетельствует о высокой информативности используемой панели STR-маркеров (Botstein 1980), где наиболее информативными оказались локусы BM2113, TGLA227, CSSM036, MGTG4B ( $> 0,80$ ) и ETH225 (0,794). Статистически значимые отклонения от равновесия Харди–Вайнберга выявлены по отдельным локусам, что может быть связано с действием селекционных факторов. В целом популяция характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия и генетической устойчивостью.

Анализ главных координат (PCoA) на основе матрицы генетических расстояний без стандартизации, показал, что первая координата объясняет 5,43% общей вариации, вторая - 5,32%. Распределение особей характеризуется выраженным перекрытием популяций и отсутствием четкой кластеризации, что свидетельствует о низкой генетической дифференциации и преобладании внутривидовой изменчивости (рисунок 10).

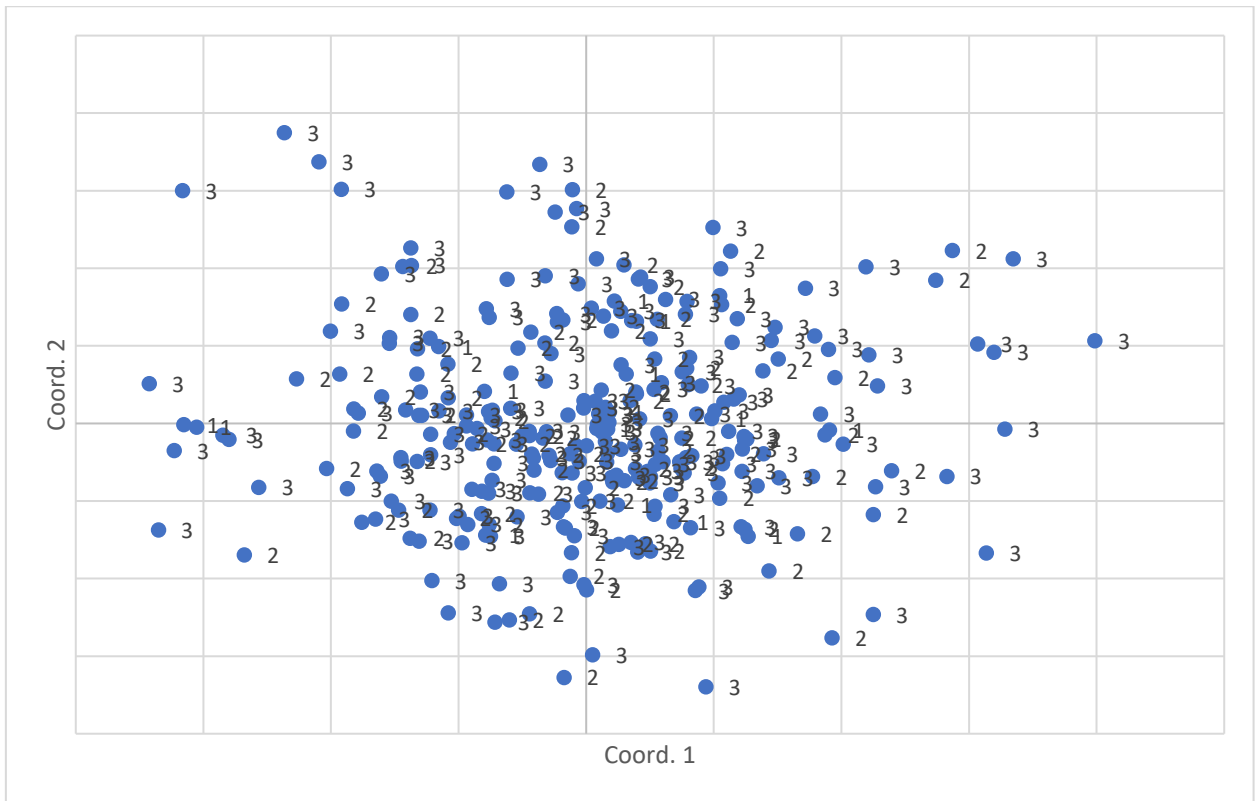


Рисунок 13 - Анализ главных координат популяции казахской белоголовой породы (n=289)

На рисунке 13, точки (n = 289), помеченные по популяциям Pop 1-быки-производители (n=16), Pop 2-племенные коровы (n=93), Pop 3-племенные бычки (n=180), образуют единое компактное облако с сильным перекрытием и явной кластеризации не наблюдается. Есть отдельные выбросы, указывающие на индивидов с относительно редкими генотипическими комбинациями. Невысокие доли объяснённой вариации первыми осями и полное перекрытие точек подтверждают вывод о преобладающей внутривидовой изменчивости и отсутствующей межпопуляционной структуре. Аналогичные результаты в литературе по внутривидовому анализу STR-маркеров часто демонстрируют малые значения % на первую ось при распределении вариации по многим маркерам (Peakall, Smouse 2012).

### 3.1.2 Расчет достоверности происхождения племенных бычков казахской белоголовой породы методом ДНК-типирования 21 STR-локусов

Необходимо отметить, что в странах с развитым скотоводством на ряду с рекомендованными ISAG/ICAR (12 STR-локусов), используются дополнительные группы микросателлитных участков, рекомендованных ISAG/FAO (30 STR-локусов), что повышает достоверность расчетов при определении происхождения у родственных животных.

Анализ данных проверки родительства на основе принципа менделевского соответствия аллелей по 12 STR-локусам представлен в таблице 5 и по 21 STR-локусу (включая 9 STR-локусов ISAG/FAO) представлен в таблице 6.

Таблица 5 – Фрагмент анализ прямого сравнения по 12 STR-локусам на достоверность происхождения (ISAG/ICAR)

ИНЖ потомства	Зоотехнический учет		ДНК анализ	
	ИНЖ матери	ИНЖ отца	ИНЖ матери	ИНЖ отца
KZP157340380	KZP100098762	KZP100098448	KZP100107421 KZP100098762	KZP100098448
KZP157340013	KZP100107115	KZP100106523	KZP100107115	KZP100098448 KZP100106523
KZP157340026	KZP100114843	KZP100106523	KZP100114843	KZP100106523 KZP100087379
KZP157364489	KZP100114897	KZP100115057	KZP100114897	KZP100115057 KZP100087163
KZP157364509	KZP100113849	KZT100195780	KZP100113849 KZP157232322	KZP157303415 KZT100195780

Таблица 6 – Фрагмент анализ прямого сравнения по 21 STR-локусам на достоверность происхождения (ISAG/FAO)

ИНЖ потомства	Зоотехнический учет		ДНК анализ	
	ИНЖ матери	ИНЖ отца	ИНЖ матери	ИНЖ отца
KZP157340380	KZP100098762	KZP100098448	KZP100107421	KZP100098448
KZP157340013	KZP100107115	KZP100106523	KZP100107115	KZP100106523
KZP157340026	KZP100114843	KZP100106523	KZP100114843	KZP100106523
KZP157364489	KZP100114897	KZP100115057	KZP100114897	KZP100087163
KZP157364509	KZP100113849	KZT100195780	KZP100113849	KZP157303415

Анализ, представленный в таблице 5 и таблице 6 включал в себя генотипы 93 племенных бычков по которым имелись генотипы матерей (n=93) и отцов (n=12) по данным зоотехнического учета. Результат анализа 12 STR-локусов ДНК одобренных ISAG/ICAR выявил у 17 племенных бычков по две потенциальные матери и у 48 племенных бычков по два потенциальных отца. Таким образом, при анализе 12 STR-локусов ДНК одобренных ISAG/ICAR, % данных родословной племенных бычков по отцам совпадает на 48,4%, ввиду возникновения ложных родственно-положительных связей.

Вместе с тем, при увеличении числа исследуемых STR-локусов ДНК до 21 микросателлитных локуса, одобренных ISAG/FAO (таблица 6), достоверно установлены матери и отцы племенных бычков. Совпадение результатов ДНК анализа с данными зоотехнического учета по матерям составил 100%, а по отцам 72%, где у 26 племенных бычков отцы оказались другие быки-производители хозяйства.

Вместе с тем, массовое определение происхождения животных по микросателлитам ДНК без использования современных программных продуктов и мощностей вычислительной техники является довольно сложной задачей.

Как было выше сказано, комбинация двух методов определения происхождения между животными – метод прямого сравнения/исключения микросателлитных ДНК профилей и вероятностный метод по «правилу

произведения», позволила определить пороговую величину вероятности при которой, при совпадающих значений длин микросателлитных локусов между сравниваемыми на родство животными, с 95% статистической значимостью можно принять достоверность происхождения этих животных.

Для этого была проведена оценка минимального уровня величины R, где локальные частоты  $r_i$  определялись только для тех микросателлитных профилей ДНК, что давали подтверждения родства животных по принципу менделевского соответствия аллелей. Сравнение вероятностных отношений встретить подобную комбинацию случайно к факту отцовства между животными дает оценку пороговой величины на уровне статистической значимости не ниже 95%, т.е.  $p < 0,05$ , и отклонять нулевую гипотезу об отсутствии родства между животными. Для этого был применен статистический тест сопряженных таблиц частот для вычисления критерия Хи-квадрат ( $\chi^2$ ), по которому оценивалась статистическая значимость гипотезы родства и подтверждения происхождения.

В таблице 7 приводятся данные вероятностей и величины ее статистической значимости (p) определения достоверности происхождения между тестируемыми животными.

Таблица 7 - Результаты оценки статистической значимости для пороговой вероятности (R) оценки происхождения животного КРС

R	p
0,99978	0,0023*
0,99971	0,0487*
0,99912	0,0731
0,99820	0,1493
0,98934	0,2633
0,97455	0,2971

Примечание: \* - статистическая значимость не ниже 95%,  $p \leq 0,05$

По этим результатам из таблицы 7, был принят нижний вероятностный порог для величины R равный 0,9997 (или 99,97%), который с 95%

статистической значимостью подтверждает родство между сравниваемыми животными, для которых тест прямого сравнения микросателлитных профилей ДНК дал положительный результат (Teulenov 2020).

Van de Goor и др. подтверждают в своих исследованиях, что стандартные панели STR для крупного рогатого скота обеспечивают высокую надежность (Goor и др. 2009).

### **3.1.3 Разработка базы данных ДНК-профилей крупного рогатого скота, генотипированных методом микросателлитных STR-локусов**

База данных генотипированных образцов ДНК предназначена для ввода и хранения данных по генетическим маркерам животных мясных и молочных пород, для последующего математического расчета достоверности происхождения племенного молодняка и контроля родословной крупного рогатого скота.

В целях повышения генетического потенциала сельскохозяйственных животных, специалисты прибегают к методам селекции, отбору и подбору животных. Для оценки результатов селекции мясных и молочных пород требуется использование современного инструмента для достоверного определения происхождения потомства.

Для решения проблемы определения отцовства быков-производителей, в хозяйствах использующих вольную случку, во всем мире применяется ДНК-паспортизация, которая позволяет с высокой достоверностью определить происхождение молодняка.

Создана современная отечественная база данных, для хранения сведений о генетических маркерах животных, реализованная на базе данных информационно-аналитической системы "Республиканская система животноводства" (ИАС) (таблица 8).

Функциональные возможности системы:

- хранение сведений из генетических паспортов, внесение результатов ДНК-тестирования;

- просматривать и экспортировать результат введенных сведений в базу данных информационно-аналитической системы "Республиканская система животноводства";
- позволяет строить отчет по животным с генетическими паспортами в формате .pdf и .csv(.xls), просматривать список введенных генетических паспортов;
- предусмотрена возможность ввода данных минимум по 12 маркерам (утвержденные ICAR), но также возможен ввод большего числа STR;

Таблица 8 - Основные технические характеристики базы данных

1. Электронно-вычислительная машина	Тип и марка сервера, персональные компьютеры	Конфигурация
	Intel® Xeon® CPU E5620	Частота 2.4 Ghz (2 процессора), 8 ГБ ОЗУ
2. Операционная система	Наименование операционной системы	Версия операционной системы
	Windows Server 2008	R2 Standard
3. Система управления базами данных	Наименование системы управления базами данных	Версия системы управления базами данных
	SQL Server 2008	10.50.1600
4. Языки программирования	C# 3.5, ASP.NET, html, javascript, css	

В результате реализации исследования создана база данных генотипированных образцов ДНК крупного рогатого скота (по микросателлитам). База позволяет вводить и сохранять информацию, с привязкой к животному зарегистрированному в базе данных ИАС.

На рисунке 14 показан вид фрагмента базы данных с результатами генотипирования крупного рогатого скота по микросателлитным локусам.

#	ИРНК животного	Регномер	Ивнен. номер	Кличка	Половозр. группа	Порода	Дата тестирования	Заказчик	Номер ДНК	STR	Выявленный отец	Подтвержден
1	KZR159561432	KA1256275	4002	Глубокий	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42744	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158225232	да
ДНК-профиль по STR:												
	BM1824 180/188 ETH3 117/125	BM2113 125/135 TGLA53 170/172	INRA023 214/214	SPS115 260/261	TGLA122 143/143	TGLA126 115/123	TGLA227 91/91	ETH10 219/221	ETH25 146/148	BM1818 262/262		
2	KZR159594995	KA1256262	3846	Золотой	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42743	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996876	да
3	KZR159570779	KA1256286	4149	Рыбак	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42734	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158258351	да
4	KZR159560986	KA1256269	3945	Рубин	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42752	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996908	да
5	KZR159594953	KA1256255	3804	Чумной	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42751	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996908	да
6	KZR159594982	KA1256258	3833	Фюма	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42750	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996897	да
7	KZR159561485	KA1256278	4055	Едкий	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42749	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996897	да
8	KZR159594990	KA1256261	3841	Прочный	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42748	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996835	да
9	KZR159561442	KA1256276	4012	Жаворонок	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42747	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158225224	да
10	KZR159522081	KA1256295	4442	Лысый	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42746	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158339889	да
11	KZR159617210	KA1256292	4271	Князь	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42745	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158225232	да
12	KZR159595012	KA1256263	3863	Пурман	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42742	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996876	да
13	KZR159570794	KA1256287	4163	Огромный	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42741	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158225232	да
14	KZR159594978	KA1256257	3829	Ясный	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42739	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996897	да
15	KZR159594974	KA1256256	3825	Родной	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42738	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996876	да
16	KZR159570800	KA1256289	4169	Монах	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42737	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158434885	да
17	KZR159570754	KA1256272	4124	Редкий	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42736	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158403622	да
18	KZR159561002	KA1256272	3962	Жадный	Бычок	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42735	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158225232	да
19	KZR159560994	KA1256271	3957	Вредный	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42733	<input checked="" type="checkbox"/>	KZR158434885	да
20	KZR159561008	KA1256273	3968	Ладный	Бык	Казахская белоголовая	23.12.2024	ТОО "Крымское"	GS-42732	<input checked="" type="checkbox"/>	KZT183996897	да

Рисунок 14 - Реестр животных генотипированных по микросателлитам и результаты генотипирования

В реестре отображаются такие данные как: инвентарный номер животного в хозяйстве, кличка, половозрастная группа, дата проведения анализа, хозяйство владелец животного, и перечень столбцов со значениями количества микросателлитных повторов по множеству маркеров: BM1818, BM1824, ETH225, INRA023, BM2113, SPS115, ETH10, TGLA122, TGLA126, TGLA227, ETH3, TGLA53, CSSM022, INRA005, TGLA57, CSSM016, RM067, AGLA293, CSM36, MGTGBG4, TGLA263.

Таким образом база результатов генотипирования крупного рогатого скота имеет возможность по хранению данных о числе повторов по 21 микросателлиту. Реестр позволяет производить фильтрацию и сортировку данных по полям, характеризующим животное для их поиска и выбора.

Для регистрации новой записи о результате генотипирования создана форма регистрации, позволяющая выбрать хозяйство и животное, зарегистрированное в базе ИАС и ввести сведения по нему (рисунок 15). Помимо результатов по 21 маркеру, данная форма позволяет также указать лабораторию, в которой исследование было произведено, дату проведения анализа, номер образца в лаборатории, а также произвольный комментарий по исследованному образцу.

Регистрация генетического паспорта

Хозяйство:

Поиск животного:

Лаборатория-исполнитель:

№ образца:  Дата исследования:

Тип тестирования:  STR  SNP

VM1818:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	TGLA122:	<input type="text" value="138"/>	<input type="text" value="173"/>	TGLA57:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
VM1824:	<input type="text" value="180"/>	<input type="text" value="188"/>	TGLA126:	<input type="text" value="116"/>	<input type="text" value="122"/>	CSSM016:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
ETH225:	<input type="text" value="142"/>	<input type="text" value="147"/>	TGLA227:	<input type="text" value="87"/>	<input type="text" value="98"/>	RM067:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
INRA023:	<input type="text" value="208"/>	<input type="text" value="212"/>	ETH3:	<input type="text" value="113"/>	<input type="text" value="113"/>	AGLA293:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
VM2113:	<input type="text" value="122"/>	<input type="text" value="134"/>	TGLA53:	<input type="text" value="156"/>	<input type="text" value="158"/>	CSM36:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
SPS115:	<input type="text" value="245"/>	<input type="text" value="249"/>	CSSM022:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	MGTGBG4:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
ETH10:	<input type="text" value="211"/>	<input type="text" value="223"/>	INRA005:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	TGLA263:	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>

Комментарий:

Рисунок 15 - Форма регистрации и редактирования сведений о проведённом исследовании ДНК

Выбор животного, для его связывания в базе с результатом анализа производится с помощью формы показанной на рисунке 14. Выбор животного выполняется из базы данных ИАС, что обеспечивает согласованность данных базы результатов генетического анализа и базой селекционной и племенной работы. Одновременно с этим решается задача проверки наличия ДНК-теста для животных, претендующих на первую категорию племенного скота.

С целью автоматизации процесса подтверждения отцовства была разработана специальная форма, позволяющая просматривать список животных, имеющих ДНК-паспорт (по микросателлитам) и функция сравнения паспорта родителя и потомка (рисунок 16).

Подтверждение происхождения											
Сведения по животному					Подтверждение отцовства			Подтверждение материнства			
#	ИНЖ животного	Отец	Мать	ДНК отца	ДНК матери	В	НС	Р	В	НС	Р
1	KZP157344952	KZP156527922	KZP100163047	STR		99.96779	12(12)	▲	0	0(0)	▲
2	KZP157344956	KZP156527846	KZP100163042	STR		99.93456	13(12)	▲	0	0(0)	▲
3	KZP157344958	KZP156527736	KZP100163046	STR		99.81804	12(12)	▲	0	0(0)	▲
4	KZP157344951	KZP156527846	KZP100163049	STR		99.80115	13(12)	▲	0	0(0)	▲
5	KZP157344947	KZP156527736	KZP100163011	STR		99.72336	12(12)	▲	0	0(0)	▲
6	KZP157344948	KZP156527736	KZP100163034	STR		99.67321	12(12)	▲	0	0(0)	▲
7	KZP157344949	KZP156527736	KZP100163319	STR		99.23356	12(12)	▲	0	0(0)	▲
8	KZP157344955	KZP156527739	KZP100163040	STR		98.94437	14(12)	▲	0	0(0)	▲
9	KZP157344953	KZP156527922	KZP100162395	STR		98.82676	14(12)	▲	0	0(0)	▲

Рисунок 16 - Форма подтверждения происхождения

В данной разработанной форме производится автоматическое сравнение результата потомка и его родителей методом прямого сравнения, а также статистическим методом, вычисляющим вероятность отцовства на основании информации о распределении частот длин повтором микросателлитных маркеров в популяции животных.

Результаты анализа, загруженные в базу данных могут быть выгружены для использования в виде таблицы Excel, как это показано на рисунке 17.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S
	ИНЖ животного	Инвент. номер	Кличка	Половозр. группа	Порода	Дата анализа	Заказчик	BM1824A	BM1824B	ET14226A	ET14226B	INRA023A	INRA023B	BMC113A	BMC113B	SP8115A	SP8115B	ETH10A	ETH10B
615	KZP1573368795	3926	3926	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	180	182	144	148	208	214	137	139	248	252	217	221
616	KZP157336872	3923	3923	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	178	180	140	150	214	214	137	139	248	254	217	219
617	KZP157336818	35008	35008	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	188	148	150	206	214	133	141	248	254	217	219
618	KZP157336826	3958	Васька	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	188	140	146	206	208	135	139	252	261	217	225
619	KZP157336836	35035	Град 35035	Бык	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	188	140	148	206	214	127	139	252	260	219	221
620	KZP157336845	3934	3934	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	178	182	140	146	208	214	135	137	248	260	219	221
621	KZP157336812	35017	35017	Бык	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	182	144	148	206	214	135	139	256	256	217	217
622	KZP157336747	35046	Нестор	Бык	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	178	188	144	144	214	214	133	133	256	260	217	221
623	KZP157336849	3908	3908	Бык	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	180	188	140	150	206	208	135	141	248	248	217	219
624	KZP157340261	4062	4062	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	182	148	150	214	214	137	139	254	260	217	217
625	KZP1573368773	3978	Гром	Бычок	Казахская белоголова	22.06.15	ТОО "Крымское"	182	182	148	150	214	214	127	141	256	260	221	221

Рисунок 17 - Результат выгрузки данных в формат Excel

Разработанная база данных способна формировать генетический сертификат, с указанием сведений о животном и результате генотипирования (рисунок 18).



позволяет иметь доступ к данной базе из любой точки мира. Также, веб-ориентированный подход в работе базы позволяет сделать её доступной для множества заинтересованных сторон.

База имеет тесную интеграцию с Информационно-аналитической системой животноводства, что позволяет уже сейчас использовать результаты работы при ведении селекционной и племенной работы для подтверждения отцовства племенных животных.

### **3.1.4. Формирование опытной и контрольной групп для проведения исследований**

В ходе проведения опыта 1, представленного на рисунке 1, результаты ДНК исследования 21 STR-локусов от 289 племенных животных внесены в базу данных ДНК, где проведен расчет достоверности происхождения племенных бычков и для продолжения исследовательского опыта, представленного на рисунке 2, были отобраны племенные бычки с достоверным происхождением по заводской генеалогической линии «Ветеран 7880» - опытная группа (n=15) и племенные бычки–сверстники, с достоверным происхождением от племенных быков-производителей иных генеалогических линий и без линейной принадлежности - контрольная группа (n=15) (таблица 9).

Таблица 9 – Формирование опытной и контрольной групп

ИНЖ племенного бычка	ИНЖ отца	Линия быка-производителя
1	2	3
Опытная группа (n=15)		
KZP157336690	KZP100109105	Ветеран 7880
KZP157336465	KZP100087426	Ветеран 7880
KZP157336636	KZP100109105	Ветеран 7880
KZP157339952	KZP100087426	Ветеран 7880

1	2	3
KZP157336544	KZP100087170	Ветеран 7880
KZP157339949	KZP100115090	Ветеран 7880
KZP157340021	KZP100098448	Ветеран 7880
KZP157340023	KZP100098448	Ветеран 7880
KZP157340099	KZP100098450	Ветеран 7880
KZP157340026	KZP100106523	Ветеран 7880
KZP157339961	KZP100087426	Ветеран 7880
KZP157340141	KZP100109105	Ветеран 7880
KZP157340016	KZP100098448	Ветеран 7880
KZP157339988	KZP100115090	Ветеран 7880
KZP157339999	KZP100109104	Ветеран 7880
Контрольная группа (n=15)		
KZP157336747	KZP100113624	Без линии
KZP157336576	KZP100087424	Без линии
KZP157336540	KZP100087387	Без линии
KZP157336501	KZP100087383	Без линии
KZP157340106	KZP100115909	Без линии
KZP157340226	KZP100113606	Без линии
KZP157338668	KZP100113608	Без линии
KZP157338697	KZP100113622	Без линии
KZP157340180	KZP100113627	Без линии
KZP157340181	KZP100113627	Без линии
KZP157340001	KZP100087427	Без линии
KZP157340002	KZP100087440	Без линии
KZP157682148	KZP100113607	Без линии
KZP157338547	KZP100113626	Без линии
KZP157336048	KZP100113629	Без линии

Как представлено в таблице 9, племенные бычки опытной группы происходят от 8-ми быков-производителей линии «Ветеран 7880», а племенные бычки контрольной группы происхождением от 14-ти племенных быков-производителей, без линейной принадлежности.

### 3.2 Показатели селекции казахской белоголовой породы

#### 3.2.1 Изучение изменений живой массы племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 6, 8-15 месяцев;

Анализ динамики живой массы выявил устойчивое преимущество бычков линии «Ветеран 7880» на всех этапах контроля, где ключевым является период с 8 до 15 месяцев, определяющий конечный результат настоящего исследования, представленный в таблице 10.

Таблица 10 - Динамика изменений живой массы племенных бычков, кг (n=15)

Возраст, мес.	Опытная		Контрольная		Разница
	M±m	Cv,%	M±m	Cv,%	
6	183,67±3,06	6,22	179,2±2,11	4,41	4,47
8	228,47±2,56	4,19	220,87±1,96	3,31	7,6 *
9	253,54±2,57	3,79	243,4±2,25	3,45	10,14 **
10	278,4±2,69	3,61	266,07±2,81	3,94	12,33 **
11	305±2,73	3,34	290,27±3,41	4,39	14,73 **
12	330,67±2,99	3,38	314,67±4,18	4,97	16,0 **
13	356,2±3,31	3,48	338,87±5,05	5,57	17,33 **
14	382,14±3,51	3,43	363,2±5,62	5,78	18,94 **
15	408,87±3,85	3,52	386,74±6,23	6,03	22,13 **

\*P≤0,05; \*\*P≤0,01

Достоверные различия живых масс племенных бычков двух групп наблюдались с 6 до 15-месячного возраста. Так, в возрасте 6 месяцев у племенных бычков двух групп наблюдается низкая разница в живых массах за наблюдаемый период, которая составила 4,47 кг, при отсутствии достоверных

различий живых масс, что указывает на одни условия содержания в молочный период и хорошую молочность матерей.

Вместе с тем, в 12-месячном возрасте наблюдается различие в живых массах племенных бычков двух групп, составляющая 16 кг или 4,84% и данная тенденция наблюдается до 15-месячного возраста, где бычки опытной группы тяжелее бычков контрольной группы на 5,4%. Также, необходимо отметить, что коэффициент вариации живых масс в 10-15 месячном возрасте у бычков контрольной группы превышает аналогичный показатель бычков опытной группы, что указывает на разность генотипов контрольной группы против консолидированных генотипов опытной группы.

Расчет изменений приростов живых масс племенных бычков характеризовал уровень интенсивности роста бычков по возрастным периодам, где бычки опытной группы показали достоверное различие от бычков контрольной группы (таблица 11).

Таблица 11 - Динамика изменений приростов живой массы племенных бычков (n=15)

Период, мес.	Опытная		Контрольная		Разница
	M±m	Cv	M±m	Cv	
1	2	3	4	5	6
Среднесуточный прирост, г					
6-8	746,67±30,74	15,40	694,45±54,78	29,51	52,22
8-9	835,56±15,61	6,99	751,12±24,25	12,08	84,44 **
9-10	828,89±21,79	9,83	755,56±31,89	15,79	73,33
10-11	886,67±12,05	5,08	806,67±33,03	15,32	80,00 *
11-12	855,56±30,06	13,14	813,34±28,73	13,22	42,22
12-13	851,12±24,49	10,76	806,67±33,54	15,56	44,44
13-14	864,45±16,32	7,06	811,12±24,67	11,38	53,33
14-15	891,12±16,66	6,99	784,45±24,95	11,90	106,67 **
8-15	859,05±13,44	5,85	789,85±25,54	12,10	69,21 *

1	2	3	4	5	6
Абсолютный прирост, кг					
6-8	44,8±1,85	15,40	41,67±3,29	29,51	3,13
8-9	25,07±0,47	6,99	22,54±0,73	12,08	2,53 **
9-10	24,87±0,66	9,83	22,67±0,96	15,79	2,20 *
10-11	26,6±0,37	5,08	24,2±0,99	15,32	2,40 *
11-12	25,67±0,91	13,14	24,4±0,87	13,22	1,27
12-13	25,54±0,74	10,76	24,2±1,01	15,56	1,33
13-14	25,94±0,49	7,06	24,34±0,75	11,38	1,60 *
14-15	26,74±0,5	6,99	23,54±0,75	11,90	3,20 **
8-15	180,4±2,83	5,85	165,87±5,37	12,10	14,53 *

\* $P \leq 0,5$ ; \*\* $P \leq 0,01$

Анализ данных таблицы 11 показывает достоверное различие среднесуточных приростов двух групп от 28,15 грамм до 121,48 грамм ( $P \leq 0,01$ ) по возрастным периодам, где в среднем разница данных среднесуточного прироста в период 8-15 месячного возраста составила 69,21 грамм, что указывает на одинаковые условия содержания животных. При этом, динамика изменений абсолютного прироста в изучаемый период составила от 1,27 кг до 3,2 кг, а в период 8-15 месячного возраста в среднем составила 14,53 кг или на 8,1% бычки опытной группы превосходили бычков контрольной группы, что является экономически значимым показателем.

Интенсивность роста племенных бычков двух групп по периодам роста и развития, выраженная в относительном приросте за изучаемый период, представлена в графическом виде на рисунке 19.

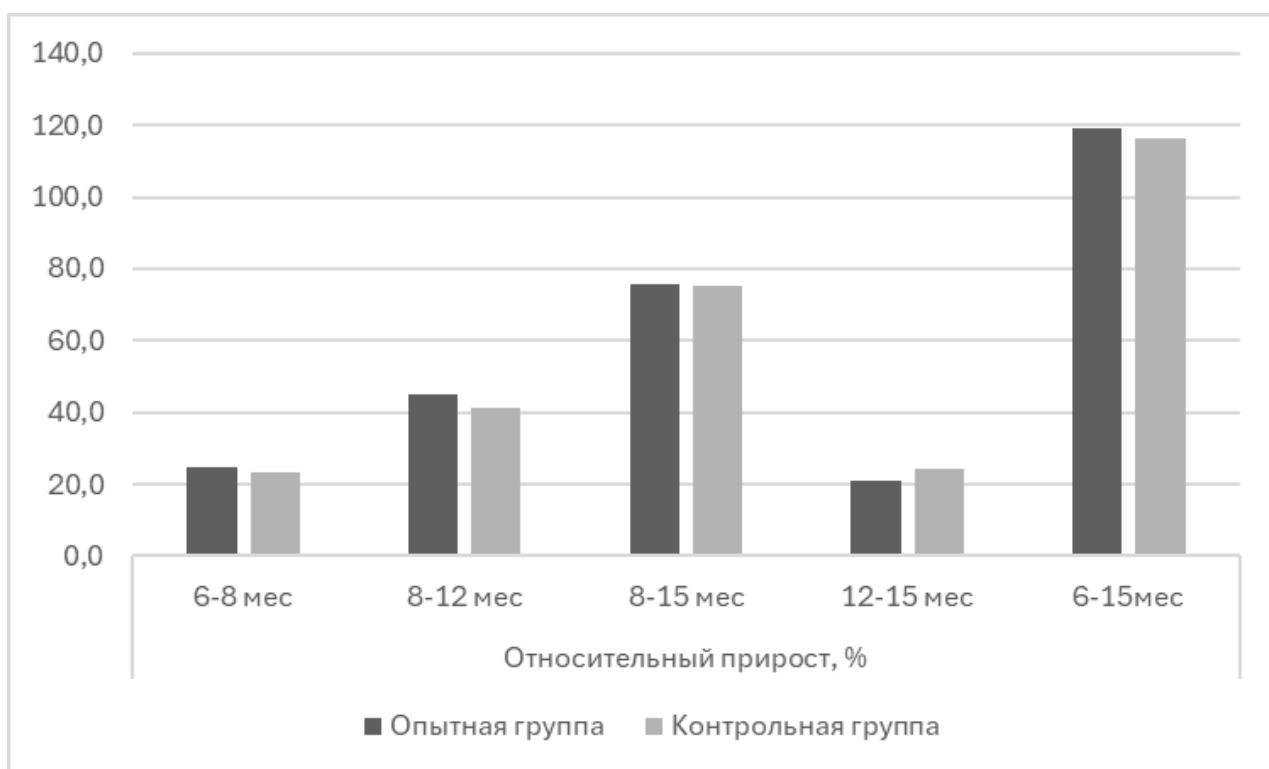


Рисунок 19. Динамика изменений относительного прироста живой массы племенных бычков по периодам, %

Анализ показателей относительного прироста племенных бычков за изучаемый период указывает на высокую степень достоверности различий ( $P \leq 0,001$ ) между двумя группами и демонстрирует более высокую интенсивность роста бычков опытной группы против бычков контрольной группы.

### 3.2.2 Изучение экстерьерно-конституциональных показателей племенных бычков казахской белоголовой породы и расчет индексов телосложения

Показатели экстерьера мясного скота являются важнейшими показателями, используемыми для оценки телосложения животных, их продуктивного потенциала и племенной ценности, позволяя расширить оценку племенных качеств, поскольку экстерьерные критерии напрямую связаны с показателями продуктивности, такими как привес (Petrov и др. 2023).

В ходе проведения исследований, было произведено измерение 11 показателей экстерьера племенных бычков двух групп, представленные в таблице 12.

Таблица 12 - Промеры экстерьера племенных бычков в 15-месячном возрасте, см (n=15)

Показатель	Опытная			Контрольная		
	M±m	Б	Cv	M±m	Б	Cv
Длина головы	45,33±0,37	1,40	3,08	45,27±0,19	0,70	1,55
Высота в холке	109,07±0,72	2,69	2,46	109,67±0,66	2,47	2,25
Высота в крестце	116,47±0,84	3,14	2,69	116,27±0,68	2,55	2,19
Глубина груди	65,6±1,71	6,41	9,77	67,93±0,59	2,22	3,27
Косая длина туловища	128,87±2,25	8,42	6,53	127,53±1,52	5,69	4,46
Ширина груди за лопатками	40,2±0,43	1,61	4,01	40,53±0,28	1,06	2,62
Ширина зада в маклаках	40,07±0,67	2,52	6,29	39,87±0,26	0,99	2,48
Обхват груди за лопатками	178,53±1,32	4,94	2,77	174,0±1,11	4,16	2,39
Обхват пясти	19,8±0,23	0,86	4,35	19,87±0,14	0,52	2,60
Ширина зада в седалищных буграх	18,47±0,48	1,81	9,79	18,6±0,24	0,91	4,89
Обхват мошонки	38,0±0,90	3,36	8,84	36,47±0,77	2,88	7,88

Анализ данных промеров экстерьера племенных бычков не показал достоверного различия между двумя группами, при этом средние показатели опытной группы незначительно превышали средние показатели контрольной группы. Заметные различия наблюдаются в показателях глубины груди, где бычки опытной группы уступали бычкам контрольной группы на 2,33 см, но

вот обхват за лопатками у бычков опытной группы выше на 4,53 см и обхват мошонки выше на 1,53 см чем у бычков контрольной группы.

Исследования в области измерения животных показывают, что показатели телосложения могут количественно характеризовать экстерьер животного и предоставлять исчерпывающую информацию о продуктивности (Macedo-Barragán 2017). По результатам измерения показателей экстерьера племенных бычков изучаемых групп были рассчитаны индексы телосложения (таблица 13).

Таблица 13 - Индексы телосложения племенных бычков (n=15)

Показатель	Опытная			Контрольная		
	M±m	Б	Cv	M±m	Б	Cv
Длинноногости	48,85±2,19	8,22	16,83	47,72±0,82	3,06	6,42
Растянутости	118,13±1,84	6,87	5,82	116,28±1,09	4,09	3,52
Тазо-грудной	100,56±1,34	5,00	4,97	101,71±0,83	3,10	3,05
Грудной	61,81±1,62	6,07	9,82	59,70±0,49	1,86	3,11
Сбитости	139,27±3,30	12,36	8,88	136,69±1,89	7,09	5,19
Перерослости	106,80±0,65	2,45	2,29	106,03±0,40	1,52	1,43
Шилозадости	46,14±1,12	4,18	9,05	46,66±0,56	2,10	4,51
Костистости	18,15±0,18	0,67	3,68	18,12±0,11	0,41	2,24
Большеголовости	41,57±0,32	1,19	2,85	41,29±0,22	0,82	1,98

Анализ 9-ти индексов телосложения племенных бычков двух групп не выявил достоверного различия. При этом бычки опытной и контрольной групп оказались с минимальным различием по индексам перерослости, шилозадости, костистости и большеголовости, и небольшим различием по индексам длинноности, растянутости, тазо-грудной, грудной и сбитости от 1,13% до 2,58%. Вместе с тем, бычки опытной и контрольной групп характеризовались пропорциональным телосложением, типичным для породы, широким и округлым туловищем с хорошо развитой мускулатурой, выраженными мясными формами, хорошим развитием туловища.

### **3.2.3 Изучение мясных качеств племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 15 месяцев**

Мясная продуктивность как показатель, характеризует количество и качество мяса, полученного при убое животных. Основными показателями мясной продуктивности считают: массу туши, убойный выход и качество туши. Вместе с тем, при целенаправленном выращивании и откорме животных важное значение имеет оценка качества мяса, в том числе соотношение мышечной, костной, жировой и соединительной тканей. Уровень продуктивности мясных пород крупного рогатого скота напрямую зависит от породы, применяемой технологии кормления и содержания, а также пола и возраста животных (Левахин В.И., 2000; Калашников В.В., Амерханов Х.А., 2005; Горлов, И.Ф. 2005). При этом, живая масса и внешние показатели экстерьера позволяют судить о прижизненном росте животных, однако данные показатели не дают объективного представления о мясной продуктивности и качестве мяса, которые возможно оценить только при убое скота. В связи с этим, технологии содержания и кормления бычков разных генотипов оказывают значительное влияние на интенсивность выращивания и откорма бычков, а также на их мясную продуктивность и качественный состав мяса.

#### Убойная масса и убойный выход в возрасте 15 месяцев

Для оценки показателей контрольного убоя племенных бычков осуществлен убой по три головы из каждой исследуемой группы. Убой производили в 15 месячном возрасте, где перед убоем произвели измерения живых масс, после чего животные находились 24 часа на голодной выдержке (без кормления) и за 3 часа до убоя исключили водопой, с целью исключения переполнения желудочно-кишечного тракта. Перед убоем повторно произвели измерение живых масс для определения предубойной массы и результаты контрольного убоя представлены в таблице 14.

Таблица 14 – Показатели контрольного убоя племенных бычков (n=3)

Показатели	Опытная	Контрольная
Съемная живая масса, кг	405,32±4,85	382,12±5,23
Предубойная живая масса, кг	390,15±3,15	366,87±3,94
Масса парной туши, кг	217,66±1,32	199,1±1,68
Выход туши, %	55,79	54,27
Масса внутреннего жира, кг	5,92±0,30	4,50±0,24
Выход внутреннего жира, %	2,72	2,26
Убойная масса, кг	223,58±1,62	203,6±1,92
Убойный выход, %	57,3	55,49

Анализ таблицы 14 указывает на значительную разницу между исследуемыми группами племенных бычков, где разница между опытной и контрольной группами по съемной живой массе и предубойной живой массой составила 23,2 кг и 23,28 кг соответственно или в среднем на 5,84% племенные бычки линии «Ветеран 7880» превосходили своих сверстников. При этом разница по выходу туши составила 1,52%, а по выходу внутреннего жира составила 0,46% в пользу опытной группы. Таким образом, племенные бычки опытной группы превышали по убойному выходу на 1,81% своих сверстников.

#### Морфологический состав туш

Существенное влияние на качество мясной туши оказывает ее морфологический состав, характеризующийся выходом отдельных тканей. При этом доминирующее влияние на качество туши оказывает содержание в ней съедобных частей, включающих мышечную и жировую ткань (Косилов В.И. и др., 2024). Данный показатель генетически детерминирован и это подтверждается результатами исследования (таблица 15).

Таблица 15 - Морфологический состав туш племенных бычков (n = 3)

Показатели	Опытная	Контрольная
Масса охлажденной туши, кг	215,54±1,16	197,01±1,28
Мышечная ткань, кг	168,55±0,67	151,56±0,9
Жировая ткань, кг	8,34±0,27	6,34±0,21
Костная ткань, кг	36,58±0,53	37,02±0,46
Соединительная ткань, кг	2,07±0,19	2,09±0,23
Коэффициент мясности	4,6	4,1

Анализ данных таблицы 15 указывает на установленные существенные различия по морфологическому составу туш исследуемых групп племенных бычков. Разница выхода мышечной ткани в пользу опытной группы составила 16,99 кг или 10,1%, при этом количество костной ткани было выше в контрольной группе на 0,44 кг, а по количеству соединительной ткани разница наблюдалась незначительная. Расчет коэффициента мясности исследуемых групп свидетельствует о превосходстве опытной группы племенных бычков линии «Ветеран 7880» над сверстниками, где разница составила 0,5 единиц, что соответствует данным других авторов и находится в допустимых пределах 4,1-4,8. Необходимо отметить, что племенные бычки контрольной группы по сравнению с опытной группой, обладали меньшим количеством жировой ткани и немногим большим количеством костной ткани, что указывает на более предпочтительные характеристики мясных качеств племенных бычков линии «Ветеран 7880».

#### Химический состав мяса

Востребованность потребителем и устойчивость спроса на мясную продукцию в первую очередь продиктованы качественными показателями, в числе которых особое место занимает пищевая ценность, представляющая собой состав и структуру химических веществ мяса (Юлдашбаев Ю.А. и др. 2025). Результаты убоя и анализа химического состава указывают на

определяющую роль наследственности в дифференциации племенных бычков казахской белоголовой породы (таблица 16).

Таблица 16 – Химический состав и энергетическая ценность мяса длиннейшей мышцы спины племенных бычков, % (n = 3)

Показатели	Опытная	Контрольная
Влага	64,46±1,12	66,67±1,34
Сухое вещество	35,54±1,12	33,33±1,34
в т.ч.: белок	20,18±0,88	20,41±0,97
жир	14,45±0,20	12,02±0,24
минеральные соли (зола)	0,90±0,10	0,90±0,12
Соотношение белка к жиру	1,40	1,70
Энергетическая ценность 1 кг мяса, ккал	2171,0	1954,6
МДж	9,09	8,18

Результаты анализа химического состава и энергетической ценности мяса указывают на разницу между исследуемыми группами племенных бычков и обусловлено различиями по содержанию отдельных питательных веществ в мышечной ткани. Так, различия по содержанию сухого вещества в средней пробе длиннейшей мышцы спины племенных бычков составила 2,21% и по жиру 2,43% в пользу опытной группы, при этом показатели по содержанию белка в мясе опытной группы уступали контрольной группе на 0,23%. Наибольшее содержание влаги было установлено у племенных бычков контрольной группы, они имели преимущество перед племенными бычками опытной группы по данному показателю на 2,21%. По содержанию золы в средней пробе мышечной ткани у исследуемых групп достоверных межгрупповых различий не установлено.

Необходимо отметить, что различия химического состава длиннейшей мышцы спины изучаемых групп племенных бычков определили различия как по выходу питательных веществ, так и по энергетической ценности мышечной

ткани. При этом, разница между опытной и контрольной группами племенных бычков по энергетической ценности 1 кг мышечной ткани составила 217 ккал и 0,91 МДж в пользу опытной группы племенных бычков линии «Ветеран 7880». Вместе с тем, анализ показателя соотношения белка и жира в мышечной ткани показал различие на 0,3 единицы в пользу контрольной группы племенных бычков.

### 3.2.4 Оценка экономической эффективности выращивания племенных бычков казахской белоголовой породы

Современные условия рыночной экономики в животноводстве существенно повышают роль таких показателей как себестоимость производства продукции и уровень рентабельности, которые характеризуют выгодность племенного животноводства (таблица 18).

Таблица 18 - Экономическая эффективность и рентабельность производства

№ п/п	Показатель	Единица измерения	Опытная	Контрольная
1	2	3	4	5
1	Живая масса в 8 мес.	кг	228,47±2,56	220,87±1,96
2	Живая масса в 15 мес.	кг	408,87±3,85	386,74±6,23
3	Себестоимость выращивания 1 головы	тенге	456 353	456 353
		рубль*	91 270,6	91 270,6
4	Затраты на подтверждение отцовства и оценку племенной ценности	тенге	10 000	10 000
		рубль	2 000	2 000
5	Всего затрат на выращивание 1 головы	тенге	466 353	466 353
		рубль	93 270,6	93 270,6
6	Рыночная цена реализации за 1 кг живой массы	тенге	1 800	1 800
		рубль	360	360

1	2	3	4	5
7	Выручка от реализации 1 головы	тенге	735 966	696 132
		рубль	147 193	139 226
8	Чистая прибыль от реализации одной головы	тенге	269 613	229 779
		рубль	53 922,6	45 955,8
9	Уровень рентабельности	%	57,8	49,3

\* средний курс рубль-тенге: 5тг/руб (курс Национального банка Республики Казахстан)

Анализ экономической эффективности и уровня рентабельности выращивания племенных бычков, представленный в таблице 18, показал различие генетического потенциала племенных бычков линии «Ветеран 7880» над сверстниками, где разница чистой прибыли составила 7 966,8 рубля, а рентабельность опытной группы превышала контрольную группу на 8,5 % при одинаковых условиях содержания и кормления.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Сравнительное изучение генетических и продуктивных особенностей племенных бычков линии «Ветеран 7880» и их сверстников, разводимых в Республике Казахстан, позволяет сделать следующие выводы:

1. Отмечена высокая степень гомозиготности по аллелям, что соответствует целенаправленной селекционно-племенной работе по закреплению селекционных признаков в популяции, при этом распределение показателей генетического состояния популяции указывает на высокий уровень аллельного разнообразия, значительную гетерозиготность и отсутствие выраженной генетической депрессии и инбридинга, запасом генетической вариабельности и высоким уровнем генетического разнообразия.

2. Достоверно установлены отцы по 21 STR-локусу у 180 племенных бычков от 16 бычков-производителей, где совпадение с данными зоотехнического учета составила 73,4%. При установлении отцовства и материнства у 93 племенных бычков, в сравнении с данными зоотехнического учета, 100% подтвердились матери племенных бычков и на 72% подтвердились отцы, где у 26 племенных бычков отцами оказались другие бычки-производители. Достоверность происхождения племенных бычков казахской белоголовой породы по 12 STR-локусам, рекомендованных ISAG/ICAR, приводит к возникновению ложных родственно-положительных связей, а при увеличении сравниваемых микросателлитных участков ДНК до 21 STR-локуса приводит к достоверному определению происхождения племенных животных и отсутствию ложных родственно-положительных связей.

3. Разработана и внедрена в производство база данных ДНК-профилей крупного рогатого скота генотипированных методом STR-локусов, основанная на двух методах подтверждения происхождения племенных животных по известным аллельным участкам, включая метод прямого сравнения ДНК-профилей и вычисление вероятности случайного совпадения генетических маркеров.

4. Достоверно подтверждено происхождение племенных бычков казахской белоголовой породы по 21 STR-локусу ДНК, были отобраны и сформированы опытная группа (n=15) от 8-ми быков-производителей заводской генеалогической линии «Ветеран 7880» и контрольная группа (n=15) от 14-ти племенных быков-производителей без линейной принадлежности.

5. Достоверные различия живых масс племенных бычков с 6-ти до 15-месячного возраста указывают на высокий генетический потенциал бычков линии «Ветеран 7880», где их средняя живая масса, по сравнению со сверстниками, в 15 месяцев составила +22,13 кг ( $p \leq 0,01$ ) или 5,7% соответственно.

6. Экстерьерно-конституциональные показатели племенных бычков линии «Ветеран 7880» незначительно превосходили своих сверстников по промерам ширина зада в маклаках на 0,2 см и обхвату груди за лопатками на 4,53 см. В целом, племенные бычки характеризовались пропорциональным телосложением, типичным для породы, широким и округлым туловищем с хорошо развитой мускулатурой, выраженными мясными формами и хорошим развитием туловища.

7. Мясная продуктивность племенных бычков в возрасте 15 месяцев линии «Ветеран 7880» превосходила сверстников по убойному выходу на 1,81%, выходу мышечной ткани на 16,99 кг или 10,1%, а по коэффициенту мясности разница составила 0,5 единиц. По энергетической ценности 1 кг мышечной ткани разница составила 217 ккал и 0,91 МДж в пользу племенных бычков линии «Ветеран 7880».

8. Экономическая эффективность выращивания племенных бычков линии «Ветеран 7880» указывает на различие генетического потенциала над сверстниками, где разница чистой прибыли составила 7 966,8 рубля, а уровень рентабельности опытной группы линии «Ветеран 7880» превышал на 8,5 % соответственно, при одинаковых условиях содержания и кормления.

## **ПРЕДЛОЖЕНИЯ ПРОИЗВОДСТВУ**

1. В целях повышения достоверности данных родословной и контроля генетической структуры стад племенных животных в хозяйствах по разведению казахской белоголовой породы, при прочих равных условиях, рекомендуется внедрение расширенной до 21 STR-локуса панели микросателлитов ДНК для повышения качества селекционно-племенной работы.

2. Учитывая природно-климатические особенности Республики Казахстан и технологические аспекты содержания и выращивания племенных животных казахской белоголовой породы, рекомендуется принять меры по увеличению численности и распространению племенных бычков заводской линии «Ветеран 7880», что обеспечит повышение уровня рентабельности производства на 8,5%.

## **ПЕРСПЕКТИВЫ ДАЛЬНЕЙШЕЙ РАЗРАБОТКИ ТЕМЫ**

Наряду с STR-локусами ДНК, перспективным методом является использование однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), которые позволяют проводить более точную оценку генетического разнообразия, родственных связей и генетических параметров популяций казахской белоголовой породы. Дальнейшие исследования могут быть направлены на выявление ассоциаций между молекулярно-генетическими маркерами и хозяйственно полезными признаками (мясная продуктивность, качество мяса, рост и развитие животных). Выявление таких связей позволит использовать маркер-ассоциированную селекцию для ускорения генетического прогресса в породе.

## ОПРЕДЕЛЕНИЯ, ОБОЗНАЧЕНИЯ И СОКРАЩЕНИЯ

В настоящей диссертации применяются следующие термины с соответствующими определениями:

база данных ДНК-профилей крупного рогатого скота – это специализированная информационная система, содержащая стандартизированные генетические характеристики (генотипы) животных, полученные по набору молекулярно-генетических маркеров, предназначенная для идентификации особей, установления происхождения и обеспечения селекционно-племенной работы;

генетическая структура – это соотношение в генофонде популяции различных генотипов и аллелей, характеризуется частотами аллелей (количественным соотношением аллелей одного локуса) и частотами генотипов (количественными соотношениями генотипов, контролируемые аллелями одного гена);

генетический потенциал – возможности генотипа, при благоприятных условиях содержания, обеспечивающий максимально возможное проявление хозяйственно-полезных признаков;

генетическое разнообразие – это разнообразие популяций по признакам или маркерам генетической природы;

достоверность происхождения – это степень точности и надежности установления биологического родства животного с его родителями (матерью и отцом), подтверждённая документальными зоотехническими и генетическими методами контроля;

микросателлитный маркер – это короткая повторяющаяся последовательность ДНК (обычно длиной 2–6 пар нуклеотидов), многократно тандемно повторённая в определённом участке генома и используемая как высокополиморфный молекулярно-генетический маркер для идентификации генотипов и анализа наследственности;

оценка племенных качеств – это система зоотехнических, генетических и биометрических методов, направленных на определение наследственной

ценности животных и их пригодности для использования в селекционно-племенной работе;

селекция – процесс совершенствования и выведения новых пород, путем целенаправленного отбора и подбора;

фенотип – совокупность свойств и признаков животных, сформировавшихся при проявлении реакции генотипа на условия внешней среды;

\$USD – доллар США;

FAO (Food and Agriculture Organization) - Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединённых Наций;

ICAR (International Committee for Animal Recording) - Международная неправительственная некоммерческая организация (МНПО), первоначально зарегистрированная в Париже от 1 июля 1901 года (Франция, в соответствии с Законом об ассоциациях). В настоящем ICAR зарегистрирован в Италии в соответствии с итальянским налоговым Кодексом 28/7/2008 (Ufficio Entrate di Roma 5, numero 17597, serie 1T) (<https://www.icar.org>);

ISAG (International Society for Animal Genetics) Международное общество генетики животных, где целями Общества являются: (а) поощрение изучения генетически обусловленных свойств тканей и жидкостей животных и (б) содействие обмену идеями и материалами между исследователями. ISAG - это научное общество, предоставляющее площадку для обмена информацией и реагентами между членами, зарегистрировано в 1990 году как Общество, свою деятельность осуществляет с 1954 года (<https://www.isag.us>);

SNP (Single Nucleotide Polymorphism) – последовательности ДНК размером в один нуклеотид (А, Т, G или С);

STR (Short Tandem Repeat) - участки ДНК состоящие из коротких повторяющихся тандемных повторов микросателлитных локусов ДНК;

ВИЖ - Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр животноводства – Всероссийский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста»;

БД ИАС – база данных Информационно-аналитическая система «Республиканская система животноводства» (<https://www.plem.kz>);

ДНК (дезоксирибонуклеиновая кислота) - макромолекула (одна из трёх основных, две другие - РНК и белки), обеспечивающая хранение, передачу из поколения в поколение и реализацию генетической программы развития и функционирования живых организмов. ДНК содержит информацию о структуре различных видов РНК и белков;

КБГ – казахская белоголовая порода крупного рогатого скота мясного направления продуктивности;

п.н. – пара нуклеотидов, спаренные основания – пара двух оснований нуклеотидов на комплементарных цепочках нуклеиновых кислот (ДНК);

ПЦ – племенная ценность;

ПЦР – полимеразная цепная реакция – экспериментальный метод молекулярной биологии, способ значительного увеличения малых концентраций определённых фрагментов нуклеиновой кислоты (ДНК) в биологическом материале (пробе);

КРС – крупный рогатый скот;

СНГ – Содружество Независимых Государств;

ТОО – товарищество с ограниченной ответственностью, юридическая форма организаций/компаний; кг – килограмм;

ккал – килокалории;

МДж – мегаджоуль;

мес. – месяц;

руб. – рубль;

см – сантиметр;

тг – тенге;

тыс. – тысяч.

**Список источников:**

1. Абдельманова А.С., Волкова В.В., Харзинова В.Р., Форнара М.С., Чинаров Р.Ю., Боронецкая О.И., Трухачев В.И., G. Vrem, Зиновьева Н.А. / Определение консенсусных генотипов по микросателлитам у музейных краниологических образцов крупного рогатого скота (*Bos Taurus*) / Сельскохозяйственная биология, 2023, том 58, №6, с. 1035-1045 <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.6.1035eng>
2. Амерханов Х.А. / Сохранение и развитие генофондных пород сельскохозяйственных животных – основа продовольственной независимости России // Молочное и мясное скотоводство. – 2022. – № 6. – С. 3–5.
3. Амерханов Х.А. Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных и их использование // Сельскохозяйственная биология. – 2016. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.801rus.
4. Амерханов Х.А., Баймуканов Д.А., Юлдашбаев Ю.А., Алентаев А.С. Технология производства говядины. – Алматы: Гылым, 2017. – 220 с.
5. Амерханов Х.А., Каюмов Ф.Г., Третьякова Р.Ф. / Действие полиморфизма гена гормона роста на весовой рост телок // Молочное и мясное скотоводство. – 2020. – № 5. – С. 5–8. DOI: 10.33943/MMS.2020.46.75.002.
6. Амерханов, Х. А. Тенденции развития мясного и молочного овцеводства в мире и России / Х. А. Амерханов, Б. К. Салаев, Ю. А. Юлдашбаев // Международный журнал аграрной науки и образования. – 2025. – № 1(5). – С. 40-46. – EDN OFVQSE.
7. Арзуманян Е.А., Бегучев А.П., Соловьёв А.А., Фандеев Б.В. / Скотоводство: Учебн. для студентов высш. с.-х. учеб заведений по спец. «Зоотехния» / - 3-е изд.; перераб. и доп. - М.: Колос, 1984. - 399 с.
8. Аубакирова Г.М., Исатаева Ф.М. / Модернизация системы государственного управления Республики Казахстан // Экономика, предпринимательство и право. – 2021. – Т. 11, № 4. – С. 827-844. – DOI 10.18334/erpp.11.4.112003

9. Баймуканов А.Д., Юлдашбаев Ю.А., Демин В.А., Магомадов Т.А., Аубакиров Х.А. Эффективное разведение породы Алатау в Казахстане // Американский журнал животноводства и ветеринарных наук. 2021. Т.16, №.4. С. 318-326. <https://doi.org/10.3844/ajavsp.2021.318.326>
10. Баймуканов Д.А., Бисембаев А.Т., Сагинбаев А. Генетические ресурсы мясного скотоводства Казахстана. – Алматы: ҒЫЛЫМ, 2019. – 280 с.
11. Бармина Т.Н., Кайдулина А.А., Бадмаева К.Е., Черников Е.В. Разработка и внедрение инновационных технологий в животноводстве для обеспечения населения высококачественными продуктами питания // Аграрно-пищевые инновации. 2022. Т. 20, № 4. С. 26-41. <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2022-20-26-41>.
12. Басонов О. А., Гинойн Р. В., Козминская А. С., Асадчий А. А. / Генотипирование как фактор совершенствования племенных и продуктивных качеств скота // Известия Кабардино-Балкарского государственного аграрного университета им. В. М. Кокова. 2023. № 4(42). С. 87–102. doi:10.55196/2411-3492-2023-4-42-87-102
13. Белая Е.В., Наметов А.М., Шамшидин А.С., Полногеномный поиск ассоциаций с QTL мясной продуктивности у скота казахской белоголовой и аулиекольской пород. Главный зоотехник. 2022;7. <https://doi.org/10.33920/sel-03-2207-01>
14. Бисембаев А.Т., Баймуканов Д.А., Кинеев М.А. Генетическая характеристика казахской белоголовой породы крупного рогатого скота // Вестник сельскохозяйственной науки Казахстана. – 2018. – № 3. – С. 45–51.
15. Бойков, Ю.В. Инбридинг в эволюции и селекции молочного скота / Ю.В.Бойков // Селекция молочного скота и промышленные технологии М.В.О. –М. : Агропромиздат, 1990. – 230 – 236 с.
16. Борисенко, Е.А. О природе гетерозиса и инбредной депрессии / Е.А. Борисенко // Известия ТСХА. – 1967. – №4. – С. 199 – 206.
17. Браде В. / Геномная селекция: революция в племенном деле // Новое сельское хозяйство. – 2011. – № 4. – С. 66-67.

18. Волкова, В. В. Характеристика аллелофонда локальных пород крупного рогатого скота России по микросателлитным маркерам / В. В. Волкова, Т. Е. Денискова, О. В. Костюнина, Х. А. Амерханов, Т. И. Добрынина, Н. А. Зиновьева // Генетика и разведение животных. – 2018. – № 3. – С. 3 – 10. – [https://doi: 10.31043/2410-2733-2018-1-3-10](https://doi.org/10.31043/2410-2733-2018-1-3-10).
19. Всяких, А.С. Теоритичекие основы племенного дела / А.С. Всяких. –М.: Колос, 1964. – 431с.
20. Горлов И.Ф., Мирошников С.А., Дускаев Г.К. Современное состояние и перспективы развития мясного скотоводства в России // Животноводство и кормопроизводство. – 2022. – № 3. – С. 8–15.
21. Горлов И.Ф., Мирошников С.А., Левахин В.И. Инновационные технологии производства говядины // Мясная индустрия. – 2014. – № 6. – С. 12–16.
22. Горлов И.Ф., Федоров Ю.Н., Анисимова Е.Ю., Бадмаева К.Е., Сложенкина А.А., Мосолова Д.А., Убушиева В.С. Основные ориентиры и приоритеты развития отрасли животноводства на юге России // Аграрно-пищевые инновации. 2023. Т. 24, № 4. С. 9-19. <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2023-24-9-19>.
23. Денискова Т. Е., Селионова М. И., Гладырь Е. А., Доцев А. В., Бобрышова Г Т, Костюнина О. В., G. Brem, Зиновьева Н. А. / Изменчивость микросателлитов в породах овец, разводимых в России. 2016. <https://doi.org/10.15389/AGROBIOLOGY.2016.6.801RUS>
24. Доцев, А. В. Оценка современного состояния генофонда холмогорской и черно-пестрой пород крупного рогатого скота на основе полногеномного SNP-анализа / А. В. Доцев, А. А. Сермягин, А. В. Шахин, И. А. Паронян, К. В. Племяшов, Х. Рейер, К. Виммерс, Г. Брем, Н. А. Зиновьева // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – № 22(6). – С. 742 – 747. – [https://doi: 10.18699/VJ18.418](https://doi.org/10.18699/VJ18.418)
25. Ерохин, А.И. Инбридинг и селекция животных / А.И. Ерохин, А.П.Солдатова, А.И. Филатов. – М.: Агропромиздат, 1985. – 20 с.

26. Животовский, Л.А. Популяционная биометрия / Л.А. Животовский // М.: Наука, 1991. – 271с.
27. Зиновьева Н. А., Доцев А. В., Сермягин А. А., Виммерс К., Рейер Х. Солкнер Й., Денискова Т. Е., G. Brem / Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP / 2016. <https://doi.org/10.15389/AGROBIOLOGY.2016.6.788RUS>
28. Зиновьева, Н. А. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота – 164 миниобзор / Н. А. Зиновьева, А. А. Сермягин, А. В. Доцев, О. И. Боронецкая, Л. В. Петрикеева, А. С. Абдельманова, G. Brem // Сельскохозяйственная биология. – 2019. – Т. 54. – №4. – С. 631 – 641. –: <https://doi:10.15389/agrobiology.2019.4.631rus>
29. Ильина А.В., Евдокимов Е.Г., Абрамова М.В., Коновалов А.В. / Анализ генетической структуры популяций и филогенетических отношений в ярославской породе, основанный на полиморфизме микросателлитных маркеров / Молочное и мясное скотоводство, 2024. <https://doi.org/10.33943/mms.2024.55.99.001>
30. Иоганссон, И. Методы разведения и селекции / И. Иоганссон // Руководство по разведению животных. – М. 1963. – Т. 2. – 121 – 130, 386 с.
31. Кабицкая Я.А., Калашникова Л.А., Бойко Е.Г., Калашников А.Е./ Генетическая идентификация как критерий первичных ошибок при регистрации крупного рогатого скота на территории Уральского федерального округа. / 2020, <https://doi.org/10.36508/rsatu.2020.45.1.020>
32. Калашников А.Е., А.И. Голубков, Н.Ф. Щегольков, Е.Р. Гостева. Проблемы и вопросы при прогнозировании генетической племенной ценности сельскохозяйственных животных. Вестник НГАУ. 2022. – 4 (65). С.77-96. DOI: 10.31677/2072-6724-2022-65-4-77-96

33. Калашников В.В., Левахин В.И., Горлов И.Ф. Использование нетрадиционных кормов, кормовых добавок и биологически активных веществ при производстве говядины. – М.: Россельхозакадемия, 2008. – 400 с.
34. Калашников В.В., Фисинин В.И., Щеглов В.В. Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных. – М.: Россельхозакадемия, 2003.
35. Карамаев С.В. Повышение мясной продуктивности крупного рогатого скота в условиях интенсивных технологий выращивания // Аграрная наука. – 2019. – № 8. – С. 45–49.
36. Карамаев С.В., Карамаева А.С. Особенности роста и развития молодняка крупного рогатого скота мясного направления продуктивности // Известия Самарской ГСХА. – 2021. – № 3. – С. 34–39.
37. Кисловский, Д.А. Разведение по линиям / Д.А.Кисловский // Избранные сочинения. – М.: Колос, 1965. – 493 – 499 с.
38. Колпаков В.И. Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор). Животноводство и кормопроизводство 2020 Т. 103 № 4. -С.47-64 <https://doi.org/10.33284/2658-3135-103-4-47>
39. Косилов В. И., Юлдашбаев Ю. А., Иргашев Т. А. [и др.] / Влияние генотипа валушков на морфологический состав и соотношение тканей туши // Аграрный вестник Приморья. – 2024. – № 2(34). – С. 27-32. – EDN KEVLPJ.
40. Косилов В. И., Юлдашбаев Ю. А., Иргашев Т. А. [и др.] / Морфологический состав и соотношение тканей туши чистопородных и помесных валушков // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2024. – № 5(109). – С. 316-320. – DOI 10.37670/2073-0853-2024-109-5-316-320. – EDN UDORSP.
41. Косилов В. И., Юлдашбаев Ю. А., Никонова Е. А. [и др.] / Развитие костной системы молодняка бестужевской породы и ее помесей с симменталами // Аграрная наука. – 2024. – № 9. – С. 60-64. – DOI 10.32634/0869-8155-2024-386-9-60-64. – EDN VXSSWZ.

42. Косилов В. И., Юлдашбаев Ю. А., Никонова Е. А. [и др.] Эффективность потребления и усвоения питательных веществ кормов рациона в зависимости от генотипа и кастрации молодняка овец // Аграрная наука. – 2024. – № 6. – С. 82-86. – DOI 10.32634/0869-8155-2024-383-6-82-86. – EDN JBUQHH.
43. Косилов В. И., Юлдашбаев Ю. А., Никонова Е. А., Кубатбеков Т. С. /Особенности телосложения валушков романовской породы и её помесей с эдильбаевской // Сельскохозяйственный журнал. – 2024. – № 4(17). – С. 76-83. – DOI 10.48612/FARC/2687-1254/008.4.17.2024. – EDN HSDGWL.
44. Косилов, В., Андриенко, Д., Иргашев, Т., & Абдурасулов, А. (2024). МЯСНАЯ ПРОДУКТИВНОСТЬ И КАЧЕСТВО МЯСА БЫЧКОВ ЧЁРНОПЁСТРОЙ ПОРОДЫ И ЕЁ ПОМЕСЕЙ С КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ НА ЮЖНОМ УРАЛЕ. Вестник Ошского государственного университета. Сельское хозяйство: агрономия, ветеринария и зоотехния, (1(6), 175–183. [https://doi.org/10.52754/16948696\\_2024\\_1\(6\)\\_24](https://doi.org/10.52754/16948696_2024_1(6)_24) - Косилов В.И.
45. Криворучко А.Ю., Скокова А.В., Яцык О.А., Каниболоцкая А.А. Современные подходы генетической идентификации породной принадлежности сельскохозяйственных животных (обзор). Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2021;22(3):317-328. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328>
46. Кузнецов В. М. / Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам / Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2020;21(2):С. 169-182. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182>
47. Кузнецов, В. М. Основы научных исследований в животноводстве / В.М. Кузнецов. – Киров: Зональный НИИСХ Северо-Востока. – 2006. – 568 с.
48. Кузнецов, В. М. Разведение по линиям и голштинизация: методы оценки, состояние и перспективы / В. М. Кузнецов // Проблемы биологии продуктивных животных. – 2013. – № 3. – С. 25 – 79.
49. Кузнецов, В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация / В.М. Кузнецов // Проблемы биологии продуктивных животных. – 2014. – С. 80-109.

50. Кузнецов, В.М. Инбридинг в животноводстве: методы оценки и прогноза / В.М. Кузнецов // НИИСХ Северо–востока. – Киров, 2000. – 66 с.
51. Кузнецова М.К., Кислякова Е.М., Исупова Ю В / Достоверность учета данных как один из способов повышения точности при измерении племенной ценности / Аграрная Россия, 2022, <https://doi.org/10.30906/1999-5636-2022-1-27-30>
52. Ларкина Т.А., Ширяев Г.В. GWAS как инструмент обнаружения SNPs у крупного рогатого скота для изучения их связи с воспроизводством, продуктивностью, ростом, поведением, болезнями. Аграрная.наука. 2024; 385(8): 124–131. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-385-8-124-131>
53. Левахин В.И., Горлов И.Ф. Мясное скотоводство и производство говядины. – Оренбург: Оренбургский ГАУ, 2011.
54. Левахин В.И., Горлов И.Ф., Мирошников С.А. Новые приемы высокоэффективного производства говядины. – М.: Вестник РАСХН, 2011. – 409
55. Левахин В.И., Сиразетдинов Ф.Х., Горлов И.Ф. Повышение адаптационных способностей и мясной продуктивности молодняка крупного рогатого скота при промышленной технологии производства говядины. – М.: Вестник РАСХН, 2010. – 404 с.
56. Левонтин, Р. Генетические основы эволюции / Р. Левонтин // М.: Мир, 1978. –351 с.
57. Марченко, Г.Г. Классификация родственных спариваний животных / Г.Г.Марченко // Зоотехния. – 1993. – № 4. – С. 11 – 12.
58. Насамбаев Едиге, Бейшова Индира, Ульянова Татьяна, Черняева София / Изучение генетической структуры крупного рогатого скота герефордской породы с применением микросателлитных маркеров / Гылым жане билым, 2023, <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-2-1-74-82>
59. Олесюк, А. П. Использование IT-технологий в молочном скотоводстве / А. П. Олесюк, Ю. А. Юлдашбаев, А. М. Тарасова // Сельское хозяйство и экосистемы в современном мире: региональные и межстрановые исследования.

– 2024. – Т. 3, № 1. – С. 26-33. – DOI 10.53315/2949-1231-2024-3-1-26-33. – EDN JVTNJF.

60. Петров А.Ф., Камалдинов Е.В. Генетическая структура скота сибирского отродья по микросателлитным локусам. Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2024;(3):230-239. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-230-239>

61. Племяшов К.В., Смарагдов М.Г., Романов М.Н. / Молекулярно-генетический полиморфизм в популяциях животных и его применение в интенсивной селекции молочного скота: обзор. Материалы 3-й Международной научно-практической конференции (30 сентября 2021 г.); с. 368–378 At: Moscow, Russia / Москва, Россия. doi: 10.18720/SPBPU/2/z21-43

62. Приказ Министра сельского хозяйства Республики Казахстан от 25 января 2023 года № 27 «Об утверждении Правил проведения оценки (испытаний) племенных животных по собственной продуктивности». Зарегистрирован в Министерстве юстиции Республики Казахстан 31 января 2023 года № 31824. <https://adilet.zan.kz/rus/docs/V2300031824>

63. Приказ Министра сельского хозяйства Республики Казахстан от 30 апреля 2015 года № 7-1/393 «Об утверждении Правил отбора проб перемещаемых (перевозимых) объектов и биологического материала». Зарегистрирован в Министерстве юстиции Республики Казахстан 9 июля 2015 года № 11618. <https://adilet.zan.kz/rus/docs/V1500011618>

64. Селионова М. И., Юлдашбаев Ю. А., Гладких М. Ю., Чылбак-Оол С. О. / Генетическое маркирование живой массы овец мясного направления продуктивности в раннем возрасте // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2024. – № 6. – С. 171-180. – DOI 10.26897/0021-342X-2024-6-171-180. – EDN BSISVR.

65. Селионова М.И., Евстафьева Л.В., Коновалова Е.Н., Белая Е.Н. / Маркер-ассоциированная и геномная селекция мясного скота // Тимирязевский биологический журнал. – 2023. – № 2. – С. 37-48. <http://dx.doi.org/10.26897/2949-4710-2023-2-37-48>

66. Смарагдов, М. Г. Полногеномная оценка инбридинга у молочного скота / М. Г. Смарагдов, А. А. Кудинов // Достижения науки и техники АПК. – 2019. – Т. 33. - № 6. – С. 51 – 53. – Режим доступа: <https://doi:10.24411/0235-2451-2019-10612>
67. Термины и определения, используемые в селекции, генетике и воспроизводстве сельскохозяйственных животных / ВНИИплем. – М., 1996. – 15, 65, 85 с.
68. Трухачев В.И., Фейзуллаев Ф.Р. Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных и их использование в селекционных программах. – Ставрополь: АГРУС, 2018. – 320 с.
69. Тяпугин С. Е., Новиков А. А., Сердюк Г Н, Семак М.С. Калашникова Л.А. / Программа генетической экспертизы племенной продукции животных российской федерации, ее недостатки и совершенствование / Зоотехния, 2021, <https://doi.org/10.25708/zt.2021.52.99.001>
70. Хамзина А.К., Юрченко А.А., Юдин Н.С., Ибрагимов П.Ш., Усенбеков Е.С., Ларкин Д.М. / История, современное состояние и генетическая характеристика локальных пород крупного рогатого скота Республики Казахстан. // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2024;28(4):416-423. DOI 10.18699/vjgb-24-47
71. Харламов А.В., Мирошников С.А., Левахин В.И., Горлов И.Ф. Химический состав длиннейшей мышцы спины и конверсия протеина и энергии кормов в мясную продукцию бычков различных генотипов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2014..
72. Чесноков Ю.В., Артемьева А.М.. "Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия" Сельскохозяйственная биология, №5, 2015, с. 571-578.
73. Шевхужев А.Ф., Криворучко А.Ю., Скорых Л.Н., Сафонова Н.С. / Генетические маркеры качества мяса у крупного рогатого скота (обзорная статья) // Вестник РГАТУ, 2022, Т. 14, № 4, С. 97-105 <https://doi.org/10.36508/RSATU.2022.24.19.014>

74. Шундалов Б.М. Экономическая эффективность продукции выращивания и реализации племенного поголовья крупного рогатого скота // Вестник Башкирского государственного аграрного университета. – 2018. – № 2. – С. 32–36;
75. Эрнст Л.К., Бегучев А.П., Левантин Д.Л. - Скотоводство, М. Колос, 1984. 519 с.
76. Юлдашбаев Ю. А., Косилов В. И., Никонова Е. А. [и др.] /Убойные качества молодняка овец в зависимости от генотипа // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агронимия и животноводство. – 2024. – Т. 19, № 3. – С. 490-496. – DOI 10.22363/2312-797X-2024-19-3-490-496. – EDN CIAUPL.
77. Юлдашбаев Ю. А., Косилов В. И., Никонова Е. А. [и др.] / Пищевая и энергетическая ценность мясной продукции телок разных пород и разного направления продуктивности при интенсивном выращивании // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2025. – № 5. – С. 135-147. – DOI 10.26897/0021-342X-2025-5-135-147. – EDN WCXJSB.
78. Юлдашбаев Ю. А., Косилов В. И., Никонова Е. А. [и др.] Генетические аспекты химического состава мышечной ткани баранчиков при интенсивном выращивании / // Мичуринский агрономический вестник. – 2023. – № 3. – С. 107-112. – EDN SCJHSV.
79. Юлдашбаев Ю.А. Технология производства продукции животноводства. – М.: РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, 2016.
80. Юлдашбаев Ю.А., Косилов В.И. Эффективность использования адаптогенов при выращивании сельскохозяйственных животных // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2019. – № 3. – С. 23–26.
81. Юлдашбаев Ю.А., Никонова Е.А., Косилов В.И. Особенности обмена веществ у молодняка крупного рогатого скота // Ветеринария и кормление. – 2020. – № 5. – С. 22–25.
82. Юлдашбаев, Ю. А. Мясная продуктивность баранчиков калмыцкой курдючной породы разных конституционально-продуктивных типов / Ю. А.

Юлдашбаев, И. В. Церенов // Зоотехния. – 2013. – № 6. – С. 5-7. – EDN QCPBEV.

83. Abo-Ismail, M. K. Identification of single nucleotide polymorphisms in genes involved in digestive and metabolic processes associated with feed efficiency and performance traits in beef cattle / M. K. Abo-Ismail, M. J. Kelly, E. J. Squires, K. C. Swanson, S. Bauck, S. P. Miller // Journal of animal science. – 2013. – V. 91(6). – P. 2512 – 2529

84. Aguilar, I. Technical Note: Recursive Algorithm for Inbreeding Coefficients Assuming Nonzero Inbreeding of Unknown Parents / I. Aguilar, I. Misztal // Journal of Dairy Science. – 2008. – V. 91. – P. 1669 – 1672. – <https://doi:10.3168/jds.2007-0575>

85. An, B. Genome-wide association study reveals candidate genes associated with body measurement traits in Chinese Wagyu beef cattle / B. An, J. Xia, T. Chang, X. Wang, L. Xu, L. Zhang, X. Gao, Y. Chen, J. Li, H. Gao // Animal genetics. – 2019. – V. 50(4). – P. 386 – 390

86. Bissembayev, A., Utepov, A., Tleulenov, Z., Shamshidin, A., Seitmuranov, A., & Makhanbetova, A. (2025). Comparative evaluation of 3D visualization systems for automated assessment of cattle exterior traits: Insights from Kinect 2.0, OAK-D, and manual measurements. Journal of Animal Behaviour and Biometeorology, 13(3), 2025024. <https://doi.org/10.31893/jabb.2025024>

87. Borowsky R. L. Estimating Nucleotide Diversity From Random Amplified Polymorphic DNA and Amplified Fragment Length Polymorphism Data // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2001. T. vol. 18. № no. 1. С. p.p. 143-148.

88. Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms // American Journal of Human Genetics. – 1980. – Vol. 32(3). – P. 314–331.

89. Bourdon R.M. Understanding Animal Breeding. – Upper Saddle River: Prentice Hall, 2000.

90. Brenig B. et al. Recent development of allele frequencies and exclusion probabilities of microsatellites in German Holstein Friesian cattle. *BMC Genetics*. 2016. DOI: 10.1186/s12863-016-0327-z
91. Brenner C. H. / Calculation of paternity index // Inclusion Probabilities in Paternity Testing. – American Association of Blood Banks, Arlington, 1983. – P. 632-638.
92. Brenner C. H. / Evaluation of the Product Rule // *Advances in Forensic Haemogenetics*. – 1994. – Vol. 5, Springer Verlag. – P. 453-455.
93. Brown, AHD and Weir, BS. 1983. Measuring genetic variability in plant populations, in *Isozymes in Plant Genetics and Breeding, Part A.*, SD Tanksley and TJ Orton, Editors. Elsevier Science Publ.: Amsterdam. p. 219-239.
94. Charlesworth, B., Sniegowski, P., and Stephan, W. The evolutionary dynamics of repetitive DNA in eukaryotes, *Nature* 371: 215-220. (1994); doi:10.1038/371215a0 (3)
95. Charlesworth, D. Inbreeding depression and its evolutionary consequences / D. Charlesworth, B. Charlesworth // *Annual Review of Ecology and Systematics*. – 1987. – V. 18. – P. 237 – 268.
96. Charlesworth, D. The genetics of inbreeding depression / D. Charlesworth, J. H. Willis // *Nature Reviews Genetics*. – 2009. – V. 10. – P. 783 – 796.
97. Charlier, C., W. Highly effective SNP-based association mapping and management of recessive defects in livestock / C. W. Charlier, W. Coppieters, F. Rollin, D. Desmecht, J. S. Agerholm, N. Cambisano, E. Carta, S. Dardano, M. Dive, C. Fasquelle, J. C. Frennet, R. Hanset, X. Hubin, C. Jorgensen, L. Karim, M. Kent, K. Harvey, B. R. Pearce, P. Simon, N. Tama, H. Nie, S. Vandeputte, S. Lien, M. Longeri, M. Fredholm, R. J. Harvey, M. Georges // *Nature Genetics*. – 2008. – V. 40. – P. 449 – 454
98. Cochran, S. D. Discovery of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with fertility and production traits in Holstein cattle / S. D. Cochran, J. B. Cole, D. J. Null, P. J. Hansen // *BMC genetics*. – 2013. – V. 14. – N. 49

99. Collis, E. Genetic variants affecting meat and milk production traits appear to have effects on reproduction traits in cattle / E. Collis, M. R. S. Fortes, Y. Zhang, B. Tier, K. Schutt, W. Barendse, R. Hawken // *Animal genetics*. – 2012. – V. 43(4). –P. 442 – 6
100. Cosenza M. et al. Allele frequencies of microsatellite loci for genetic characterization of a Sicilian bovine population. *Genetics and Molecular Research*. 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/2015.January.30.12>
101. Curik, I. Genomic dissection of inbreeding depression: a gate to new opportunities / I. Curik, M. Ferencakovic, J. Soelkner // *Revista Brasileira de Zootecnia*. – 2017. – V. 46(9). – P. 773 – 782. – <https://doi:10.1590/s1806-92902017000900010>
102. Daetwyler, H. D. Inbreeding in genome-wide selection / H. D. Daetwyler, B. Villanueva, P. Bijma, J. A. Woolliams // *Journal of Animal Breeding and Genetics*. – 2007. – V. 124. – P. 369 – 376
103. Dalton D.C. A review of central performance testing of beef bulls // *Livestock Production Science*. – 1978. – Vol. 5. – P. 29–38. DOI: 10.1016/0301-6226(78)90042-8. (ScienceDirect)
104. Davison, C.; Michie, C.; Tachtatzis, C.; Andonovic, I.; Bowen, J.; Duthie, C.-A. Feed conversion ratio (FCR) and performance group estimation based on predicted feed intake for the optimisation of beef production. *Sensors* 2023, 23, 4621. <https://doi.org/10.3390/s23104621>
105. Dixon, A. L., et al. Economic assessments from experimental research trials of feedlot cattle. *Frontiers in Veterinary Science* / PMC, 2022.
106. Dominguez-Castaño P. Genetic and environmental effects on weaning weight in beef cattle // *Journal of Agricultural Science*. – 2021. DOI: 10.1017/S0021859621000305.
107. Eileen Wang, Hong Yao. / Examining the accuracy of DNA parentage tests using computer simulations and known pedigrees // *Journal of Emerging Investigators*. 13 July 2020. VOL 2. -C.1-6 <https://doi.org/10.59720/19-131>

108. Falconer, D. S. and MacKay, T. F. C. Introduction to quantitative genetics / D. S. Falconer, T. F. C. MacKay // Harlow: Longman Group Ltd. – 1996b. – V. 4. – P. 251
109. FAO 2011 «Molecular genetic characterization of animal genetic resources», <https://openknowledge.fao.org/items/11695a09-4ff7-45c5-b327-6a3f99136868> (Приложение 7)
110. Frisch J.E., Vercoe J.E. Maintenance requirement, feed intake and heat production in different cattle genotypes // Journal of Agricultural Science. – 1977.
111. Gamarra D., López-Oceja A., de Pancorbo M. Genetic characterization and founder effect analysis of Salers cattle population. Animal. 2017. DOI: 10.1017/S1751731116001063
112. Gerasimov NP, Dzhulamanov KM, Lebedev SV, Kolpakov VI. Effect of IGF-1 C472T, GH C2141G, and GHR T914A polymorphisms on growth performance and feed efficiency in young Kazakh white-headed cattle. Vet World. 2023 Aug;16(8):1584-1592. doi: 10.14202/vetworld.2023.1584-1592. Epub 2023 Aug 10. PMID: 37766706; PMCID: PMC10521179.
113. Glazko V.I., Kosovsky G.Yu., Glazko T.T. DNA markers and microsatellite code // Agricultural Biology. 2023. DOI: 10.15389/agrobiology.2023.2.223rus.
114. Glowatzki-Mullis M.L., Gaillard C., Wigger G., Fries R. Microsatellite-based parentage control in cattle // Animal Genetics. 1995. Vol. 26. P. 7–12.
115. Goor, L. H. P. v. d., Panneman, H., & Haeringen, W. A. v. (2009). A proposal for standardization in forensic bovine dna typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. Animal Genetics, 40(5), 630-636. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01891.x>
116. Graffelman, J, and B S Weir. “Testing for Hardy–Weinberg Equilibrium at Biallelic Genetic Markers on the X Chromosome.” Heredity, vol. 116, no. 6, Apr. 2016, pp. 558–68. Crossref, <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.20>.
117. Guba, S. Changes in some standart characteristics of cattle in response to various extents of inbreeding / S. Guba, G. Wolf // ActaAgron. Acad. Scient. Hungary. – 1984. – T. 33. № 1–2. – P. 67 – 95

118. Habier, D. The impact of genetic relationship information on genome–assisted breeding values / D. Habier, R.L. Fernando, J.C.M. Dekkers // *Genetics*. – 2007. – V. 177. – P. 2389 – 2397
119. Hankerson, B. (2025). Pasture, grazing, and meat production in Kazakhstan. <https://doi.org/10.18452/34649>
120. Hartl, DL and Clark, AG. 1997. *Principles of Population Genetics* 3rd Ed. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc.
121. Hill, W. Variation in actual relationship as a consequence of mendelian sampling and linkage / W. Hill, B. Weir // *Genetics Research*. – 2011. – V. 93. – P. 47 – 64
122. Hu, Z.-L. Building a livestock genetic and genomic information knowledgebase through integrative developments of Animal QTLdb and CorrDB / Z.-L. Hu, C. A. Park, J. M. Reecy // *Nucleic Acids Research*. – 2019. – V. 47. – P. 701 – 710– <https://doi:10.1093/nar/gky1084>
123. ICAR. Guidelines for STR microsatellite-based parentage testing in cattle. <https://www.icar.org/rules-for-str-microsatellite-based-certification-and-snp-based-genotyping-certification-in-cattle/>
124. Jeffreys AJ, Murray J, Neumann R., High-resolution mapping of crossovers in human sperm defines a minisatellite-associated recombination hotspot. *Mol Cell*. 1998 Aug;2(2):267-273. (15)
125. Kardos, M. How should we compare different genomic estimates of the strength of inbreeding depression? / M. Kardos, P. Nietlisbach, P. W. Hedrick // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 2018. – V. 115. – P. 2492 – 2493
126. Kardos, M. Measuring individual inbreeding in the age of genomics: marker–based measures are better than pedigrees / M. Kardos, G. Luikart, F. Allendorf // *Heredity*. – 2015. – V. 115. – P. 63 – 72
127. Khamzina, A.K.; Igoshin, A.V.; Muslimova, Z.U.; Turgumbekov, A.A.; Khussainov, D.M.; Yudin, N.S.; Ussenbekov, Y.S.; Larkin, D.M. Resequencing Composite Kazakh Whiteheaded Cattle: Insights into Ancestral Breed Contributions,

- Selection Signatures, and Candidate Genetic Variants. *Animals* 2025, 15, 385. <https://doi.org/10.3390/ani15030385>
128. Khunchaikarn S., Mankeb P., Suwanmaneepong S. Economic efficiency of beef cattle production in Thailand // *Journal of Management Information and Decision Sciences*. – 2022. – Vol. 25(2). – P. 1–9.;
129. Kolbehdari, D. A whole genome scan to map QTL for milk production traits and somatic cell score in Canadian Holstein bulls / D. Kolbehdari, Z. Wang, J. R. Grant, B. Murdoch, A. Prasad, Z. Xiu, E. Marques, P. Stothard, S. S. Moore // *Journal of animal breeding and genetics*. – 2009. – V. 126(3). – P. 216 – 227
130. Kolbehdari, D. A whole-genome scan to map quantitative trait loci for conformation and functional traits in Canadian Holstein bulls / D. Kolbehdari , Z. Wang , J. R. Grant, B. Murdoch, A. Prasad , Z. Xiu, E. Marques, P. Stothard, S. S. Moore // *Journal of dairy science*. – 2008. – V. 91(7). – P. 2844 – 2856. – <https://doi:10.3168/jds.2007-0585>
131. Krupa E., Oravcova M., Polak P. Factors affecting growth traits of beef cattle breeds // *Czech Journal of Animal Science*. – 2005. DOI: 10.17221/4004-CJAS.
132. Leal-Gutiérrez, J. D. Genome wide association and gene enrichment analysis reveal membrane anchoring and structural proteins associated with meat quality in beef / J. D. Leal-Gutiérrez JD, M. A. Elzo, D.D. Johnson, H. Hamblen, R. G. Mateescu // *BMC genomics*. – 2019. – V. 20(1). – P. 151
133. Leroy, G. Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis / G. Leroy // *Anim. Genet*. – 2014. – V. 45. – P. 618 – 628
134. Li X, An N, Chen H, Liu D. Effects of yeast culture on growth performance, antioxidant capacity, immune function, and intestinal microbiota structure in Simmental beef cattle. *Front Vet Sci*. 2025;11:1533081. Published 2025 Jan 31. [doi:10.3389/fvets.2024.1533081](https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1533081)
135. Liashenko Y. et al. Assessment of genetic diversity in Charolais cattle using FAO-ISAG microsatellite loci. *Scientific and Technical Bulletin of Livestock Farming Institute*. 2024.

136. Macedo-Barragán, Rafael. (2017). Zoometry: A Useful Tool for Determining the Productive Aptitude of Domestic Ruminants. *Journal of Dairy, Veterinary & Animal Research*. 5. <https://doi.org/10.15406/JDVAR.2017.05.00140>
137. McClure M.C., Sonstegard T.S., Wiggans G.R. et al. Imputation of microsatellite alleles from dense SNP genotypes for parentage verification across cattle breeds // *Frontiers in Genetics*. 2013. DOI: 10.3389/fgene.2013.00176.
138. Modorov M.V. Marker nomenclature and control of type I and II errors in cattle parentage testing // *Russian Journal of Genetics*. 2024. DOI: 10.1134/S1022795424701175.
139. Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I., Gorji, A. M., Hegedűs, G., & Taller, J. (2012). PICcalc: An Online Program to Calculate Polymorphic Information Content for Molecular Genetic Studies. *Biochemical Genetics*, 50(9–10), 670–672. <https://doi.org/10.1007/s10528-012-9509-1>
140. Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *PNAS*, 70(12), 3321–3323. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>
141. NRC: National Research Council. / *The Evaluation of Forensic DNA Evidence*. – Washington: Natl. Acad. Press, 1996.
142. Ojo A.O., Mulim H.A., Campos G.S., et al. Exploring Feed Efficiency in Beef Cattle: From Data Collection to Genetic and Nutritional Modeling // *Animals*. – 2024. – 14(24):3633. DOI: 10.3390/ani14243633.
143. Park S.J. Genetic, management and nutritional factors affecting beef cattle production // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. – 2018.
144. Peakall, Rod, and Peter E. Smouse. “GenAlEx 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research—an Update.” *Bioinformatics*, vol. 28, no. 19, Jul. 2012, pp. 2537–39. Crossref, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.
145. Petrov, E.B., Vladimirov, F.E., & Bazaev, S.O. (2023). Study of the beef cattle genetic potential realization indicators for digitalization of the animals breeding qualities assessment. *Вестник российской сельскохозяйственной науки*. <https://doi.org/10.31857/2500-2082/2023/5/93-97>

146. Polizel, G.H.G., Diniz, W.J.S., Cesar, A.S.M. et al. Impacts of prenatal nutrition on metabolic pathways in beef cattle: an integrative approach using metabolomics and metagenomics. *BMC Genomics* 26, 359 (2025). <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11545-6>
147. Prado J.M., Prado I.N., Visentainer J.V., Rotta P.P., Perotto D., Moletta J.L., Prado I.M., Ducatti T. The effect of breed on the chemical composition and fatty acid profile of the Longissimus dorsi muscle of Brazilian beef cattle // *Journal of Animal and Feed Sciences*. – 2009. – Vol. 18(2). – P. 231–240. DOI: 10.22358/jafs/66387/2009
148. Qin D., Gao R., Ji D. Synergy between genetics and nutrition: a systematic review of factors affecting performance in dairy cows // *Frontiers in Animal Science*. – 2025. DOI: 10.3389/fanim.2025.1653052
149. Raidan F.S., Santos D.C., Moraes M.M., Araújo A.E., Ventura H.T., Bergmann J.A., Turra E.M. & Toral F.L.. Selection of performance-tested young bulls and indirect responses in commercial beef cattle herds on pasture and in feedlots. *Genetics, selection, evolution: GSE* 2016, 48(1), 85. <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0265-2>
150. Raidan F.S.S., Passafaro T.L. Selection of performance-tested young bulls and indirect responses in beef cattle // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. DOI: 10.1186/s12711-016-0268-9. (PMC)
151. Rollins W.C., Pollock J.W.T. Beef cattle performance and progeny tests for gain // *Journal of Animal Science*. – 1962. – Vol. 21. – P. 200–206. DOI: 10.2527/jas1962.212200x. (OUP Academic)
152. Sakowski T. Genetic and environmental determinants of beef quality // *Frontiers in Veterinary Science*. – 2022. DOI: 10.3389/fvets.2022.819605.
153. Scheffler T.L. Connecting heat tolerance and meat quality in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle // *Animals*. – 2022. DOI: 10.3390/ani12030318
154. Serik Tazhibayev, Kambar Musabekov, Ainur Yesbolova, Saltanat Ibraimova, Aziza Mergenbayeva, Zhanar Sabdenova, Marat Seidahmetov, Issues in the Development of the Livestock Sector in Kazakhstan, *Procedia - Social and*

Behavioral Sciences, Volume 143, 2014, Pages 610-614, ISSN 1877-0428, <https://doi.org/10.1016/j.sbspro.2014.07.446>.

155. Shang S. et al. Development of a 17-plex STR typing system for cattle identification and parentage testing // *Forensic Science International: Genetics*. 2024.

156. Shang S. et al. Development of a 17-plex STR typing system for cattle identification. *Scientific Reports*. 2024.

157. Simeanu D. Farming factors influence on animal production // *Agriculture*. – 2025. DOI: 10.3390/agriculture15131346.

158. Songyang Shang, Yutong Wang, Xiujuan Yu, Defu Zhang, Runhong Luo, Ri Jiang, Gang Zhao, Xuehai Du, Jupeng Zhang, David M. Irwin, Zhe Wang & Shuyi Zhang / Development of a 17-plex STR typing system for the identification of individuals and parentage testing in cattle // *Sci Rep* 14, 24998 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-76547-y>

159. Stevanov-Pavlović M, Dimitrijević V, Marić S, Radović D, Stevanović J, Stanimirović Z: / Applicability assessment of a standardized microsatellite marker set in endangered Busha cattle. // *Slo Vet Res* 2015, 52:133-139.

160. Strand M, Prolla TA, Liskay RM, Petes TD. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. *Nature*. 1993;365(6443):274-276. doi:10.1038/365274a0.

161. Terry, S. A. Strategies to improve the efficiency of beef cattle production. *Canadian Journal of Animal Science*, 2020.;

162. Viryanski D. Short tandem repeats as a tool for molecular characterization of cattle genetic resources // *CAB Reviews*. 2019.

163. Weir, B. S., and C. Clark Cockerham. "Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure." *Evolution*, vol. 38, no. 6, Nov. 1984, p. 1358. Crossref, <https://doi.org/10.2307/2408641>.

164. Wright S. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol. 4: Variability Within and Among Natural Populations. – Chicago: University of Chicago Press, 1978. – 580 p.

165. Yi S., Tian X., Qin X., Zhang Y., Guan S., Chen Z., et al. Effects of Yeast Cultures on Growth Performance, Fiber Digestibility, Ruminal Dissolved Gases, Antioxidant Capacity and Immune Activity of Beef Cattle // *Animals*. – 2025. – 15(10):1452. DOI: 10.3390/ani15101452
166. Yuldashbaev, Yu. A. Amino-Acid Composition of Meat Produced by Ram Lambs of the Dagestan Mountain Breed and Their Crosses / Yu. A. Yuldashbaev, A. M. Abdulmuslimov, I. A. Sazonova // *Russian Agricultural Sciences*. – 2021. – Vol. 47, No. 6. – P. 627-630. – DOI 10.3103/s1068367421060185. – EDN TACOTA.
167. Zhumadiya Tleulenov, Gainiya Yesseyeva, Anuarbek Seitmuratov, Almagul Ayupova, PSX-30 Late-Breaking Abstract: Genotypes database of pedigree cattle population in Kazakhstan and the introduction of a calculating mechanism for livestock parentage verification, *Journal of Animal Science*, Volume 98, Issue Supplement\_4, November 2020, Pages 355–356, <https://doi.org/10.1093/jas/skaa278.624>

ПРИЛОЖЕНИЯ

  
 ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ      РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН  
 REPUBLIC OF KAZAKHSTAN  
**ПАТЕНТ**  
**PATENT**  
 № 5749  
**ПАЙДАЛЫ МОДЕЛЬГЕ / НА ПОЛЕЗНУЮ МОДЕЛЬ / FOR UTILITY MODEL**



(21)	2020/1007.2
(22)	09.11.2020
(45)	08.01.2021

(54) Шаш жинауға арналған конверт, оны жасау және пайдалану тәсілі  
 Конверт для сбора волос, способ его изготовления и использования  
 The hair collection box, method of manufacturing and use

(73) «Мал шаруашылығы және ветеринария ғылыми-өндірістік орталығы» жауапкершілігі шектеулі серіктестігі (KZ)  
 Товарищество с ограниченной ответственностью «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии» (KZ)  
 «Research and Production Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine» Limited Liability Partnership (KZ)

(72) Тлеуленов Жұмадия Муратбекович (KZ) Ануарбек Бисембаев Темірбекович (KZ) Ералін Нуржан Жанатович (KZ) Сейтмұратов Ануарбек Есмұханбетович (KZ) Шәмшідін Әлжан Смайлұлы (KZ) Сагинбаев Азамат Қуандықович (KZ) Абылғазінова Айжан Тлеужановна (KZ) Алмағұл Аюпова Бауыржановна (KZ) Айтмұханбетов Даулет Какижанович (KZ)	Tleulenov Zhumadiya Muratbekovich (KZ) Anuarbek Bissembayev Temirbekovich (KZ) Yeralin Nurzhan Zhanatovich (KZ) Seitmuratov Anuarbek Yesmukhanbetovich (KZ) Shamshidin Aizhan Smayluly (KZ) Saginbayev Azamat Kuandykovich (KZ) Abylgazinova Aizhan Tleuzhanovna (KZ) Almagul Ayupova Bauyrzhanovna (KZ) Aitmukhanbetov Daulet Kakizhanovich (KZ)
---	---



ЭЦҚ қол қойылды  
 Подписано ЭЦП  
 Signed with EDS

Е. Оспанов  
 Е. Оспанов  
 Y. Ospanov

«Ұлттық зияткерлік меншік институты» РМК директоры  
 Директор РГП «Национальный институт интеллектуальной собственности»  
 Director of the «National Institute of Intellectual Property» RSE

# СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации прав  
на объект авторского права

№ 1438

29 июля 2014.

Настоящим удостоверяется, что в Комитете по правам интеллектуальной собственности Министерства юстиции Республики Казахстан зарегистрированы исключительные имущественные права на объект авторского права под названием «База данных генотипированных образцов ДНК мясных и молочных пород (база данных), авторами которого по заявлению правообладателя являются Ускенов Рашит Бахитжанович, Касенов Жанат Маратович, Рахимжанов Аскар Шайдоллаевич, Тлеуленов Жумадия Муратбекович.

По заявлению правообладателя исключительные имущественные права на объект авторского права, созданный **11 февраля 2014 года**, принадлежат ТОО «Научно-инновационный центр животноводства и ветеринарии» и правообладатель гарантирует, что при создании вышеуказанного объекта не были нарушены права интеллектуальной собственности других лиц.

Запись в реестре за № 1438 от 29 июля 2014 года имеется.

Председатель



А. Естаев

# СВИДЕТЕЛЬСТВО

ИС 0012734

РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ



## СВИДЕТЕЛЬСТВО

о государственной регистрации базы данных

№ 2025626061

**Метод отбора крупного рогатого скота для селекции по  
21 STR-маркерам ДНК**

Правообладатель: *Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» (RU)*

Авторы: *Юлдашбаев Юсупжан Артыкович (RU), Тлеуленов Жумадия Муратбекович (KZ), Бисембаев Ануарбек Темирбекович (KZ), Кульмакова Наталия Ивановна (RU), Магомадов Тарам Амхатович (RU)*

Заявка № 2025625699

Дата поступления 28 ноября 2025 г.

Дата государственной регистрации

в Реестре баз данных 11 декабря 2025 г.



*Руководитель Федеральной службы  
по интеллектуальной собственности*

ДОКУМЕНТ ПОДПИСАН ЭЛЕКТРОННОЙ ПОДПИСЬЮ  
Сертификат 00a570e4f7ca10e511b4b8818e75f29506  
Владелец **Зубов Юрий Сергеевич**  
Действителен с 04.07.2025 по 28.11.2026

*Ю.С. Зубов*



### АКТ ВНЕДРЕНИЯ В ПРОИЗВОДСТВО результатов научно-исследовательских работ

Настоящим актом подтверждаем, что результаты исследований, изложенные в диссертационной работе Глеуленова Жумадия Муратбековича, касательно оценки племенных качеств и достоверности происхождения бычков казахской белоголовой породы по микросателлитным маркерам внедрены в производство племенного животноводства ТОО «Крымское».

На основе полученных данных установлено, что:

- достоверные различия живых масс племенных бычков от рождения до 15-месячного возраста указывают на высокий генетический потенциал бычков линии «Ветеран 7880», где их средняя живая масса при рождении на 15,5% ниже по сравнению со сверстниками, а в 15 месяцев разница составила +22,13 кг ( $p \leq 0,01$ ) или 5,7% соответственно;
- мясная продуктивность племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 15 месяцев линии «Ветеран 7880» превосходили своих сверстников по убойному выходу на 1,81%, выходу мышечной ткани на 16,99 кг или 10,1%, а по коэффициенту мясности разница составила 0,5 единиц. По энергетической ценности 1 кг мышечной ткани разница составила 217 ккал и 0,91 МДж в пользу племенных бычков линии «Ветеран 7880»;
- достоверно установлены отцы по 21 STR-локусу у 180 племенных бычков от 16 бычков-производителей. Разработана и внедрена в производство база данных ДНК-профилей крупного рогатого скота генотипированных методом STR-локусов;
- вероятность ложноположительного результата для SNP-профилей составила  $\approx 10^{-32}$ , что достоверно подтверждает происхождение 180 бычков от 16 бычков-производителей с точность 99,99%. Разработана база данных ДНК-профилей крупного рогатого скота генотипированных методом полиморфизма SNP-маркеров и внедрена в селекционно-племенную работу с племенным скотом;
- экономическая эффективность выращивания племенных бычков линии «Ветеран 7880» указывает на различие генетического потенциала над сверстниками, где уровень рентабельности опытной группы линии «Ветеран 7880» превышал на 8,5 % при одинаковых условиях содержания и кормления.

Разработанная Глеуленовым Ж.М. база данных генотипированных образцов ДНК крупного рогатого скота с математическим механизмом расчета достоверности родства, внедрена в информационно-аналитическую систему «Республиканская система животноводства» (<https://plem.kz>) и применяется в племенной работе ТОО «Крымское».

В настоящий момент бычки-производители, включенные в исследования, активно используются в племенных стадах по разведению казахской белоголовой породы по всей республике.

Научный консультант  
кандидат с.-х. наук

А.Е. Сейтмуратов

Главный зоотехник  
ТОО «Крымское»

Г.Б. Лебедик