



*На правах рукописи*

**ТЛЕУЛЕНОВ ЖУМАДИЯ МУРАТБЕКОВИЧ**

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

Специальность

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

**АВТОРЕФЕРАТ**

на соискание ученой степени

кандидата сельскохозяйственных наук

г. Москва – 2026 г.

Работа выполнена на кафедре частной зоотехнии ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»

Научный  
руководитель: **Юлдашбаев Юсупжан Артыкович,**  
доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик  
РАН, заведующий кафедрой частной зоотехнии ФГБОУ  
ВО «Российский государственный аграрный университет  
– МСХА имени К.А. Тимирязева»

Официальные  
оппоненты: **Кармаев Сергей Владимирович,**  
доктор сельскохозяйственных наук, профессор,  
профессор кафедры «Зоотехния» ФГБОУ ВО  
«Саратовский государственный аграрный университет»

**Ильина Анна Владимировна,**  
кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный  
сотрудник испытательной лаборатории генетики и  
биотехнологии, ученый секретарь Ярославского научно-  
исследовательского института животноводства и  
кормопроизводства – филиала ФГБНУ «Федеральный  
научный центр кормопроизводства и агроэкологии  
имени В.Р. Вильямса»

Ведущая  
организация: ФГБОУ ВО «Московская государственная академия  
ветеринарной медицины и биотехнологии – МВА имени  
К.И. Скрябина»

Защита состоится 30 июня 2026 г. в 11:30 часов на заседании  
диссертационного совета 35.2.030.10 на базе ФГБОУ ВО «Российский  
государственный аграрный университет–МСХА имени К.А. Тимирязева», по  
адресу: 127434, г. Москва, ул. Прянишникова, д. 19, тел: 8 (499) 976-17-14.

Юридический адрес для отправки почтовой корреспонденции (отзывов):  
127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, д. 49.

С диссертацией можно ознакомиться в Центральной научной библиотеке  
имени Н.И. Железнова ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный  
университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» и на сайте Университета  
[www.timacad.ru](http://www.timacad.ru).

Автореферат разослан «\_\_\_» \_\_\_\_\_ 2026 г.

Ученый секретарь  
диссертационного совета 35.2.030.10,  
кандидат биологических наук, доцент

Заикина  
Анастасия Сергеевна

## 1. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

**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 (Баймуқанов 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, давно известным методом 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).

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

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.

В настоящее время активно развивается направление научных исследований генетической обусловленности признаков мясной продуктивности крупного рогатого скота на уровне ДНК. Вместе с тем, Международным комитетом регистрации животных (ICAR) рекомендованы два современных метода определения и контроля происхождения животных, основанных на однонуклеотидном полиморфизме ДНК (SNP) не менее 100 маркеров и микросателлитах ДНК (STR) не менее 12 локусов.

#### **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 работы, 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.

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).

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.

**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.

**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 на: Международной научно-практической конференции «Животноводство и кормопроизводство: теория, практика и инновация» (2013 г.); I Евразийской научно-практической конференции «Инновационные агробiotехнологии в животноводстве и ветеринарной медицине» (2015 г.); III Евразийской конференции «Фундаментальные и прикладные аспекты клеточной биотехнологии и молекулярной генетики в племенном животноводстве стран ЕАЭС» (2016 г.); Международном молодежном научном форуме «ЛОМОНОСОВ-2017» (2017 г.); Ежегодной конференции Американского общества животноводов (ASAS, 2020 г.); заседаниях кафедры частной зоотехнии и ученого совета Института зоотехнии и биологии ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, г. Москва, 2025–2026 гг.; 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, получен 1 патент Республики Казахстан на полезную модель, 1

авторское свидетельство Российской Федерации, 1 авторское свидетельство Республики Казахстан и издана 1 монография.

**Личный вклад 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.

## 2. МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА ИССЛЕДОВАНИЙ

Исследования проводились в хозяйстве «Крымское» Денисовского района Костанайской области, 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. ТОО «Крымское» имеет статус «Племхоза» с 1985 года и статус «Племзавода» с 13.12.2005 года.

Исследования в рамках диссертационной работы проводились по схемам, представленным на рисунках 1 и 2 на животных казахской белоголовой породы. Для выполнения исследований по схеме 1 были отобраны 16 быков-производителей, 93 племенные коровы и 180 племенных бычков. Для выполнения научно-хозяйственного опыта по схеме 2 были сформированы две группы бычков по 15 голов: опытная группа – бычки генеалогической линии «Ветеран 7880» и контрольная группа – племенные бычки казахской белоголовой породы. Животные находились в одинаковых условиях кормления и содержания.

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.

Исследование генетической структуры популяции бычков проводили на основе анализа полиморфизма 21 STR-локусов ДНК, включая 12 STR-локусов рекомендованных ICAR и дополнительными 9 STR-локусов из панели рекомендованной ISAG и FAO.

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 аллелей 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).



Рисунок 1 – Схема исследований № 1



Рисунок 2 – Схема исследований № 2

Контроль за ростом и развитием осуществляли путем измерения живой массы утром перед кормлением, с применением электронных весов, в возрасте 6, 8, 12, 15 месяцев. 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, 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.

Мясную продуктивность бычков оценивали методом контрольного убоя в возрасте 15 месяцев, где из каждой группы отбирали по три головы и проводили убой в соответствии с действующей методикой ВИЖ, определяли съёмную и предубойную живую массу, убойную массу и убойный выход. 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 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 мяса.

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.

Статистическую обработку данных STR-локусов ДНК выполняли с использованием специализированных программных пакетов популяционной генетики в программе GenAlEx 6.5 (Peakall, Smouse, 2012), функционирующей в среде Microsoft Excel. Полученный экспериментальный материал обработан методом вариационной статистики с использованием программы Excel Microsoft Office. Достоверность различий между признаками определяли 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 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 STR-локусам ISAG/ICAR

Маркер	Длина	Частота встречаемости (p <sub>i</sub> )			Маркер	Длина	Частота встречаемости (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
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		TGL A122	139	0,000	0,022
ETH 10	213	0,000	0,011	0,003	141		0,094	0,038	0,053
	215	0,063	0,102	0,078	143		0,281	0,435	0,389



1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AGLA293	228	0,000	0,000	0,003	CSSM016	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
	236	0,000	0,022	0,039		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		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	
MGTGBG4	185	0,063	0,048	0,069	100	0,000	0,000	0,003	
	131	0,000	0,022	0,014	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	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 представлен анализ по трём выборкам 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.

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), TGLA53 (14 аллелей) и TGLA127 (11 аллелей), а минимальное количество наблюдается в локусе TGLA126 (6 аллелей). Для локуса TGLA122 выявлены аллели длиной 139–187 п.н., среди которых наиболее распространёнными являются аллели 143 п.н. (36,8%) и 161 п.н. (26,5%). Высокая аллельная вариабельность также отмечена для локуса TGLA53, где зарегистрирован широкий диапазон длин повторов (154–196 п.н.) и наиболее часто встречающимися оказались аллели 162 п.н. (23%) и 172 п.н. (36%).

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 п.н. и 139 п.н. в среднем

составляет 54,1% и 36% соответственно, при этом эти значения не внесут большого вклада в повышение степени определения достоверности происхождения. Значительная вариабельность выявлена для локусов CSSM016, MGTGBG4 и AGLA293. Так, для локуса CSSM016 обнаружены аллели длиной 155–185 п.н., при этом максимальная частота наблюдается у аллелей 167 п.н. (22,1%), 171 п.н. (32,7%) и 175 п.н. (23,4%). Для локуса MGTGBG4 также выявлен широкий диапазон аллельных вариантов 131-151 п.н., где максимальная частота наблюдается по аллелям 139 п.н. (25,6%) и 145 п.н. (29,5%).

Анализ данных 21 STR-локусов ДНК популяции казахской белоголовой породы (n=289), включая распределения значений количества аллелей на локус (Na), эффективного числа аллелей (Ne), наблюдаемой (No) и ожидаемой гетерозиготности (He), представлены 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	No±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	8	2,03±0,15	0,548±0,071	0,502±0,035
TGLA53	14	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 (Na) составило 8,95, что свидетельствует о высоком уровне аллельного разнообразия. Наиболее полиморфным оказался локус TGLA122 (Na = 16), тогда как минимальное количество аллелей выявлено у INRA005 (Na = 3). Среднее число эффективных аллелей (Ne) составило 3,76 ± 0,14, что отражает реальное распределение частот аллелей и степень их равномерности. Максимальные значения Ne отмечены для

локусов BM2113 (6,02±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±0,013, а ожидаемая гетерозиготность ( $H_e$ ) - 0,709±0,011, что свидетельствует о высокой генетической вариабельности 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.

Индекс фиксации Райта ( $F_{is}$ ) и степень генетической дифференциации между популяциями ( $F_{st}$ ), 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, представленный в таблице 4, 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.

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 3).

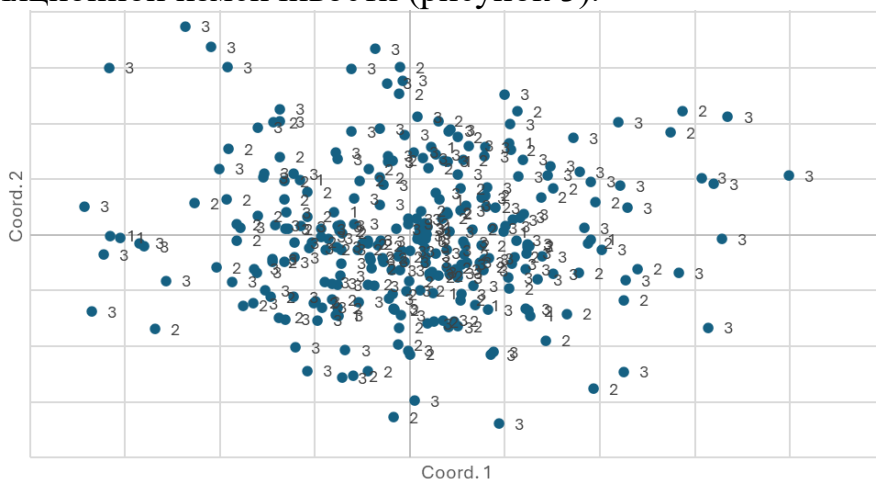


Рисунок 3 - Анализ главных координат популяции казахской белоголовой породы ( $n=289$ )

На рисунке 3, 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 наряду 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 и по 21 STR-локусу (включая 9 STR-локусов ISAG/FAO) 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, 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.

### **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, в которой отображаются: инвентарный номер животного в хозяйстве, кличка, половозрастная группа, дата проведения анализа, хозяйство владелец животного, и перечень столбцов со значениями количества микросателлитных повторов. База данных построена на основе современных технологий: Microsoft .NET Framework 4.0, ASP.NET 4.0, IIS 7.5, Microsoft SQL Server 2008 R2.

## **3.2 Показатели селекции казахской белоголовой породы**

### **3.2.1 Изучение изменений живой массы племенных бычков казахской белоголовой породы в возрасте 6, 8, 12, 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 5.

Таблица 5. 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 *
12	330,67±2,99	3,38	314,67±4,18	4,97	16,0 **
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, представленные в таблице 5, 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%. 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 консолидированность 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 6).

Таблица 6. Динамика изменений приростов живой массы племенных бычков (n=15)

Период, мес.	Опытная		Контрольная		Разница
	M±m	Cv	M±m	Cv	
Среднесуточный прирост, г					
6-8	746,67±30,74	15,40	694,45±54,78	29,51	52,22
8-12	858,33±19,2	8,37	756,67±31,58	15,62	101,66 **
12-15	777,04±36,29	17,48	834,07±47,01	21,09	57,03 **
8-15	823,49±20,38	9,26	789,84±25,53	12,10	33,65 *
Абсолютный прирост, кг					
6-8	44,8±1,85	15,40	41,67±3,29	29,51	3,13
8-12	103,00±2,3	8,37	90,8±3,79	15,62	12,2 **
12-15	69,93±3,27	17,48	75,07±4,23	21,09	5,14 **
8-15	172,93±4,28	9,26	165,87±5,36	12,10	7,06 *

\*P≤0,5; \*\*P≤0,01.

Анализ данных таблицы 6 показывает достоверное различие среднесуточных приростов двух групп от 33,65 грамм до 101,66 грамм (P≤0,01) по возрастным периодам, где в среднем разница данных среднесуточного прироста в период 8-15 месячного возраста составила 33,65 грамм, что указывает на одинаковые условия содержания животных. При этом, динамика изменений абсолютного прироста в изучаемый период составила от 3,13 кг до 12,2 кг, а в период 8-15 месячного возраста в среднем составила 7,06 кг, что является экономически значимым показателем.

Показатель относительного прироста в период 6-15 месяцев в опытной группе составило 118,9% и контрольной – 116,3%, наблюдаемая разница в пользу опытной группы составила 2,6%.

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

Анализ данных промеров экстерьера племенных бычков не показал достоверного различия между двумя группами, 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.

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 длинноты, 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

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.

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 7.

Таблица 7. 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 7 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.

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, где данный показатель генетически детерминирован и это подтверждается результатами исследования (таблица 8).

Таблица 8. 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 8 указывает на установленные существенные различия по морфологическому составу туш, где 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 над сверстниками, где разница составила 0,5 единиц, что соответствует данным других авторов и находится в допустимых пределах 4,1-4,8. Также, 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».

Результаты убоя и анализа химического состава указывают на определяющую роль наследственности в дифференциации племенных бычков казахской белоголовой породы (таблица 9).

Таблица 9. 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 различия по содержанию сухого вещества в средней пробе длиннейшей мышцы спины племенных бычков, которая 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,

где 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 различий не установлено.

Необходимо отметить, что различия химического состава длинной 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.

### 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 10).

Таблица 10. Экономическая эффективность и рентабельность производства

Показатель	Единица измерения	Опытная	Контрольная
Живая масса в 8 мес.	кг	228,47±2,56	220,87±1,96
Живая масса в 15 мес.	кг	408,87±3,85	386,74±6,23
Себестоимость выращивания 1 головы	тенге	456 353	456 353
	рубль*	91 270,6	91 270,6
Затраты на подтверждение отцовства	тенге	10 000	10 000
	рубль	2 000	2 000
Всего затрат на выращивание 1 головы	тенге	466 353	466 353
	рубль	93 270,6	93 270,6
Рыночная цена реализации за 1 кг живой массы	тенге	1 800	1 800
	рубль	360	360
Выручка от реализации 1 головы	тенге	735 966	696 132
	рубль	147 193	139 226
Чистая прибыль от реализации одной головы	тенге	269 613	229 779
	рубль	53 922,6	45 955,8
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 10, 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 быков-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 быки-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.

### **Статьи, опубликованные в журналах, рекомендованных ВАК РФ:**

1. **Тлеуленов, Ж.М.** Результаты анализа отцовства по STR-локусам ДНК казахской белоголовой породы в ТОО «Крымское» (Казахстан) / Ж.М. Тлеуленов, А.Т. Бисембаев, Ю.А. Юлдашбаев // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2025. – №6 (116). – С. 223-229. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2025-116-6-223-229>.

2. Юлдашбаев, Ю.А. Сравнительный анализ продуктивных и племенных качеств бычков казахской белоголовой породы различных генетических групп / Ю.А. Юлдашбаев, **Ж.М. Тлеуленов** // Труды Кубанского

государственного аграрного университета. – 2025. – №6 (122). – С. 309-313.  
<https://doi.org/10.21515/1999-1703-122-309-313>.

3. **Тлеуленов, Ж.М.** Оценка экономической эффективности выращивания племенных бычков казахской белоголовой породы различных генетических групп / Ж.М. Тлеуленов // ИЗВЕСТИЯ Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование. – 2026. – №1 (85). – С. 435-440. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2026-01-46>.

#### Статьи, опубликованные в других изданиях:

4. Ускенов, Р.Б. Современные достижения популяционной генетики / Р.Б. Ускенов, А.Г. Акбидаев, А.Т. Бисембаев, **Ж.М. Тлеуленов** // Животноводство и кормопроизводство: теория, практика и инновация: Материалы международной научно-практической конференции, Алматы, 06–07 июня 2013 года. 1. – Алматы: ТОО «Комплекс», 2013. – С. 39-41. – EDN SZOVND.

5. Шевцов, А.Б. Разработка и внедрение в селекционный процесс усовершенствованного протокола генотипирования крупного рогатого скота на основе анализа STR повторов / А. Б. Шевцов, К. К. Муканов, А. К. Сагинбаев, **Ж.М. Тлеуленов** // I Евразийская научно-практическая конференция «Инновационные агробiotехнологии в животноводстве и ветеринарной медицине», Санкт-Петербург, 17–20 ноября 2015 года / ответственный редактор И.Я. Нам. – Санкт-Петербург: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Брянский государственный университет имени академика И.Г. Петровского», 2015. – С. 148-150. – EDN VQJUFN.

6. Аюпова, А.Б. Организация генетических исследований в Казахстане / А. Б. Аюпова, С. А. Жамалиева, **Ж.М. Тлеуленов** // III Евразийская конференция «Фундаментальные и прикладные аспекты клеточной биотехнологии и молекулярной генетики в племенном животноводстве стран ЕАЭС», 19-21 октября 2016 г., г. Брянск. / Отв. Ред. И.Я. Нам. – Брянск : [б. и.], печ. 2016. – С. 34-36. ISBN 978-5-9734-0260-0.

7. Жамалиева, С.А. База данных генотипированных образцов ДНК мясных и молочных пород Казахстана / С.А. Жамалиева, А.Б. Аюпова, **Ж.М. Тлеуленов** // III Евразийская конференция «Фундаментальные и прикладные аспекты клеточной биотехнологии и молекулярной генетики в племенном животноводстве стран ЕАЭС», 19-21 октября 2016 г., г. Брянск. / Отв. Ред. И.Я. Нам. – Брянск : [б. и.], печ. 2016. – С. 56-58. ISBN 978-5-9734-0260-0.

8. Харжау, А. Генетическая структура местных пород крупного рогатого скота Республики Казахстан / А. Харжау, **Ж. Тлеуленов**, А. Сермягин // Материалы Международного молодежного научного форума «ЛОМОНОСОВ-2017» / Отв. ред. И.А. Алешковский, А.В. Андриянов, Е.А. Антипов. [Электронный ресурс] – экз. ISBN 978-5-317-05504-2.

9. **Tleulenov, Zhumadiya.** Genotypes database of pedigree cattle population in Kazakhstan and the introduction of a calculating mechanism for livestock parentage verification / Zhumadiya Tleulenov, Gainiya Yesseyeva, Anuarbek

Seitmuratov, Almagul Ayupova // Journal of Animal Science, Vol. 98, Issue Supplement\_4, November 2020, Pages 355–356, <https://doi.org/10.1093/jas/skaa278.624>.

10. Bissembayev, Anuarbek. Improving the DNA database of genotypes using SNP markers for locally bred cattle in Kazakhstan / Anuarbek Bissembayev, **Zhumadiya Tleulenov**, Saule Koblanova, Aliya Akhmetaliyeva, Almagul Ayupova, Rukhan Kulbaev // Journal of Animal Science, Vol. 98, Issue Supplement\_4, November 2020, Pages 357–358, <https://doi.org/10.1093/jas/skaa278.626>.

#### **Патенты, гранты, свидетельства о государственной регистрации базы данных:**

11. Свидетельство о государственной регистрации прав на объект авторского права № 1438 Республика Казахстан. База данных генотипированных образцов ДНК мясных и молочных пород: база данных / правообладатель: Товарищество ограниченной ответственности «Научно-инновационный центр животноводства и ветеринарии» (KZ); авторы: Ускенов Р.Б., Касенов Ж.М., Рахимжанов А.Ш., Тлеуленов Ж.М. - № 1438; заявл. 21.05.2014; опубл. 29.07.2014. - 1 электрон. опт. диск (CD-ROM). - Астана, 2014.

12. Пат. 5749 Республика Казахстан, МПК В65D 73/00 (2006.01). Конверт для сбора волос, способ его изготовления и использования / Тлеуленов Ж. М., Бисембаев А. Т., Ералин Н. Ж. [и др.]; патентообладатель ТОО «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии». - № 2020/1007.2; заявл. 09.11.2020; опубл. 2021, Бюл. № 1. - 26 с.

13. Свидетельство о государственной регистрации базы данных №2025626061 Российская Федерация. Метод отбора крупного рогатого скота для селекции по 21 STR-маркерам ДНК: база данных / правообладатель: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» (RU); авторы: Юлдашибаев Ю. А., Тлеуленов Ж. М., Бисембаев А. Т., Кульмакова Н. И., Магомадов Т. А. – № 2025626061; заявл. 28.11.2025; зарег. 11.12.2025. – Текст: электронный.

#### **Монографии:**

14. Использование биотехнологических подходов в селекции крупного рогатого скота и построение информационной базы данных генотипированных образцов ДНК: Монография / **Ж.М. Тлеуленов**, С.А. Жамалиева, А.Б. Аюпова, Б.М. Баетов, Ж.М. Касенов. – Астана: Евразия, 2017. – 80 с.