

Метаболические биомаркеры герефордского скота в раннем возрасте как предикторы живой массы телок при отъеме

К. Н. Нарожных, М. А. Барсукова 

Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

 E-mail: mariabar23@yandex.ru

Аннотация. Раннее прогнозирование потенциала роста является ключевым фактором повышения эффективности производства говядины. Несмотря на доказанную эффективность генетической селекции, метаболический статус животного может выступать лимитирующим фактором в реализации его продуктивного потенциала. **Целью** данного исследования являлось выявление гематологических и биохимических биомаркеров в раннем возрасте, ассоциированных с ростом телок мясного скота до отъема, и разработка робастной, валидированной прогностической модели для живой массы при отъеме. **Методы.** Исследование было проведено на группе телок герефордской породы ($n = 46$). Образцы крови отбирались в период отъема для комплексного гематологического и биохимического анализа. Были зарегистрированы живая масса при отъеме (в 205 дней) и данные по продуктивности их матерей. Множественная линейная регрессионная модель была построена с использованием метода пошагового обратного отбора на основе информационного критерия Акаике (AIC). Финальная модель прошла строгую диагностическую проверку на нормальность распределения остатков (критерий Шапиро – Уилка) и гомогенность дисперсии (критерий Бреуша – Пагана). Прогностическая способность и устойчивость модели оценивались с помощью перекрестной проверки по методу исключения по одному (LOOCV). **Научная новизна** заключается в поиске надежных предикторов живой массы молодняка герефордского скота на ранних этапах выращивания. **Результаты.** Итоговая регрессионная модель была статистически значимой ($F = 3,241$, $p = 0,01776$) и объясняла 31 % вариации живой массы при отъеме (скорректированный $R^2 = 0,3095$). Три ключевых предиктора показали значимое влияние: живая масса матери при рождении (4,33 кг на каждый кг; $p = 0,006$), концентрация мочевины в сыворотке крови ($-2,60$ кг на ммоль/л; $p = 0,032$) и уровень холестерина (2,17 кг на ммоль/л; $p = 0,047$). Диагностические тесты подтвердили соответствие модели допущениям линейной регрессии. Кросс-валидация продемонстрировала робастность модели, показав R^2 перекрестной проверки 0,243 и среднеквадратичную ошибку RMSE = 16,33 кг. Результаты показывают, что сочетание генетического потенциала матери (отраженного в ее собственном весе при рождении) и метаболического профиля телки является сильным предиктором роста до отъема. В частности, низкий уровень мочевины и высокий уровень холестерина в сыворотке крови можно рассматривать как благоприятные биомаркеры эффективного анаболического метаболизма, направленного на рост. Данная валидированная модель представляет собой объективный инструмент для ранней идентификации физиологически эффективных телок, являясь ценным дополнением к традиционным программам селекции в мясном скотоводстве.

Ключевые слова: мясной скот, телки, живая масса при отъеме, биомаркеры, прогностическая модель, мочевины, холестерин, кросс-валидация

Благодарности. Работа выполнена по теме госзадания 2023–2025 гг. «Формирование племенного стада герефордской породы мясного скота с улучшенной продуктивностью с использованием генетических методов селекции», регистрационный номер НИОКТР 123120100080-4.

Для цитирования: Нарожных К. Н., Барсукова М. А. Метаболические биомаркеры герефордского скота в раннем возрасте как предикторы живой массы телок при отъеме // Аграрный вестник Урала. 2026. Т. 26, № 02. С. 306–317. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-02-306-317>.

Дата поступления статьи: 23.10.2025, **дата рецензирования:** 11.11.2025, **дата принятия:** 17.12.2025.

Metabolic biomarkers of Hereford cattle at an early age as predictors of the live weight of heifers at weaning

K. N. Narozhnykh, M. A. Barsukova 

Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia

 E-mail: mariabar23@yandex.ru

Abstract. Early forecasting of growth potential is a key factor in improving beef production efficiency. Despite the proven effectiveness of genetic breeding, the metabolic status of an animal can be a limiting factor in realizing its productive potential. **The purpose** of this study was to identify hematological and biochemical biomarkers at an early age associated with the growth of heifers of beef cattle before weaning, and to develop a robust, validated prognostic model for live weight at weaning. **Methods.** The study was conducted on a group of Hereford breed heifers ($n = 46$). Blood samples were taken during weaning for comprehensive hematological and biochemical analysis. Live weight at weaning (at 205 days) and data on the productivity of their mothers were recorded. A multiple linear regression model was built using the step-by-step reverse sampling method based on the Akaike Information Criterion (AIC). The final model underwent a rigorous diagnostic test for the normality of the residue distribution (Shapiro – Wilk criterion) and the homogeneity of the variance (Breusch – Pagan criterion). The predictive ability and stability of the model were assessed by cross-validation using the one-by-one exclusion method (LOOCV). **The scientific novelty** lies in the search for reliable predictors of the live weight of young Hereford cattle at the early stages of rearing. **Results.** The final regression model was statistically significant ($F = 3.241$, $p = 0.01776$) and explained 31 % of the variation in body weight at weaning (adjusted $R^2 = 0.3095$). Three key predictors showed a significant effect: maternal birth weight (4.33 kg per kg; $p = 0.006$), serum urea concentration (-2.60 kg per mmol/L; $p = 0.032$) and cholesterol level (2.17 kg per mmol/L; $p = 0.047$). Diagnostic tests confirmed the model's compliance with the assumptions of linear regression. Cross-validation demonstrated the robustness of the model, showing a cross-validation R^2 of 0.243 and a root-mean-square error (RMSE) of 16.33 kg. The results show that the combination of the mother's genetic potential (reflected in her own birth weight) and the heifer's metabolic profile is a strong predictor of growth before weaning. In particular, low levels of urea and high serum cholesterol can be considered as favorable biomarkers of effective growth-promoting anabolic metabolism. This validated model is an objective tool for early identification of physiologically efficient heifers, being a valuable addition to traditional breeding programs in beef cattle breeding.

Keywords: beef cattle, heifers, live weight at weaning, biomarkers, prognostic model, urea, cholesterol, cross-validation

Acknowledgements. The study was carried out on the topic of the state task 2023–2025 “Formation of a breeding herd of the Hereford beef cattle breed with improved productivity using genetic breeding methods”, registration number of research, development and technological works 123120100080-4.

For citation: Narozhnykh K. N., Barsukova M. A. Metabolic biomarkers of Hereford cattle at an early age as predictors of the live weight of heifers at weaning. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2026; 26 (02): 306–317. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-02-306-317>. (In Russ.)

Date of paper submission: 23.10.2025, **date of review:** 11.11.2025, **date of acceptance:** 17.12.2025.

Постановка проблемы (Introduction)

Эффективность производства говядины является одним из важнейших элементов современной экономики агропромышленного комплекса и во многом определяется генетическим потенциалом и реализацией продуктивных качеств животных [1]. Одним из ключевых селекционных признаков в мясном скотоводстве является живая масса молодняка при отъеме (в возрасте 205 дней), поскольку она не только отражает материнские качества коровы и собственный потенциал роста теленка, но и напря-

мую коррелирует с последующей продуктивностью и рентабельностью всего стада [2]. Традиционные подходы к селекции, основанные на оценке фенотипа и расчете племенной ценности (EBV) [3], являются высокоэффективными инструментами, однако они не всегда отражают текущее физиологическое состояние животного, которое может лимитировать реализацию заложенного генетического потенциала. Так, модели, созданные для мясного скота на основе лишь генетической ценности производителя, недостаточно точно описывают прогноз живой мас-

сы потомков [4]. При этом есть данные о влиянии живой массы телят при рождении на последующий рост и продуктивность животных [5].

В связи с этим возрастает научный и практический интерес к поиску объективных количественных биомаркеров, способных на ранних этапах жизни животного охарактеризовать его метаболический статус и предсказать дальнейшую траекторию роста [6]. При этом необходимо, чтобы полученные маркеры не только описывали различия между группами животных или породами, но и могли быть использованы как предикторы для прогноза дальнейшей продуктивности животных [7]. Гематологические и биохимические показатели крови представляют собой «метаболическое зеркало» [8], отражающее ключевые процессы в организме: энергетический баланс, эффективность белкового обмена, состояние здоровья и уровень стресса [9–11]. На сегодняшний день в мировом научном сообществе ведутся активные поиски предикторов продуктивности животных, позволяющие качественно описать перспективы развития новорожденных телят как мясных, так и молочных пород, а также продуктивный потенциал матерей в зависимости от массы теленка [12; 13]. В качестве предикторов, определяющих дальнейшую продуктивность теленка, используются паратипические факторы (год рождения, сезон рождения, возраст матери и т. д.) [14], оценка племенной ценности родителей [15], взаимодействия генетических и средовых факторов [16], морфометрические характеристики [17; 18], биохимические и гормональные профили [19]. Существенную сложность в построение моделей вносит высокий продуктивный потенциал современных животных в сочетании с низким уровнем изменчивости в высокопродуктивных стадах. Анализ этих показателей может предоставить ценную информацию, дополняющую традиционные методы селекции, и позволить выявлять не только генетически ценных, но и физиологически эффективных особей.

Ряд исследований продемонстрировал связь отдельных биохимических маркеров с продуктивными качествами скота. Так, показатели белкового обмена, такие как концентрация общего белка и мочевины, могут служить индикаторами адекватности протеинового питания и эффективности его использования для анаболических процессов [20]. Маркеры энергетического статуса, в частности холестерин и глюкоза, отражают доступность энергии для роста и развития [21]. Гематологические параметры, например уровень гемоглобина, характеризуют кислородтранспортную функцию крови, напрямую связанную с интенсивностью обменных процессов в тканях [22]. Однако большинство работ фокусируются на корреляции с отдельными маркерами, в то время как комплексный подход,

объединяющий наиболее значимые предикторы в единую прогностическую модель, остается менее изученным.

Настоящее исследование было предпринято для восполнения этого пробела. Мы выдвинули гипотезу о том, что специфический набор гематологических и биохимических маркеров, зафиксированных в раннем возрасте, в сочетании с показателями продуктивности их матерей исследуемых животных может быть использован для построения статистически надежной и робастной модели для прогнозирования живой массы телок при отъеме.

Цель настоящего исследования заключалась в разработке и строгой валидации устойчивой прогностической модели для оценки живой массы телок мясного скота при отъеме (205 дней) на основе ранних гематологических, биохимических показателей и данных о продуктивности их матерей. Для достижения цели были поставлены следующие задачи:

1. Охарактеризовать гематологический и биохимический профиль телок мясной породы в ранний постнатальный период.
2. Выявить наиболее значимые метаболические и материнские факторы, ассоциированные с живой массой в 205-дневном возрасте, с использованием метода пошаговой регрессии.
3. Разработать математическую модель для прогнозирования живой массы при отъеме и провести ее полную статистическую диагностику на соответствие допущениям регрессионного анализа.
4. Оценить прогностическую способность и устойчивость модели на новых данных с помощью метода перекрестной проверки (кросс-валидации).
5. Проанализировать биологическую значимость выявленных предикторов и их потенциальное использование в программах селекции и управления стадом.

Методология и методы исследования (Methods)

Исследование было проведено на группе телок герефордской породы ($n = 46$), рожденных в племенном репродукторе Новосибирской области. Содержание животных осуществлялось круглогодично под открытым небом с выгоном на пастбища в летний период в соответствии с технологией, принятой в хозяйстве для мясного скотоводства. В подсосный период телки находились на пастбищном содержании вместе с матерями. После отъема в среднем в возрасте 205 дней животные были переведены на групповое беспривязное содержание и получали сбалансированный рацион, состоящий из сенажа, сена и зерносмеси в соответствии с детализированными нормами кормления для данной половозрастной группы. Доступ к воде и минеральным подкормкам был свободным. Все манипуляции с животными проводились с соблюдением этических норм и правил, утвержденных протоколом исследо-

вания на животных экспертной комиссией Новосибирского государственного аграрного университета (код протокола 16NS121117, 5 декабря 2023 г.).

Для каждой телки были собраны данные по следующим показателям продуктивности: живая масса при отъеме (205 дней), в возрасте 12 и 15 месяцев. Взвешивание проводилось утром до кормления на электронных весах с точностью до 1 кг. Также были собраны данные о продуктивности их матерей: возраст на момент отъема, живая масса при рождении, в 205 дней, 12 и 15 месяцев.

Образцы венозной крови отбирались у всех животных в утренние часы из яремной вены в вакуумные пробирки с КЗ-ЭДТА для гематологического анализа и в пробирки с активатором свертывания для биохимического исследования.

Гематологический анализ проводился не позднее чем через 2 часа после взятия крови на автоматическом анализаторе PCE 90Vet (High Technology Inc., США).

Для биохимического анализа пробирки с кровью центрифугировали при 3000 об/мин в течение 15 минут для получения сыворотки. Биохимические исследования сыворотки определяли в лаборатории биохимии и гематологии кафедры ветеринарной генетики и биотехнологии Новосибирского ГАУ на фотометре 5010 унифицированными методами с использованием набора реагентов «Ольвекс-Диагностикум». Уровень кортизола определялся методом иммуноферментного анализа (ИФА) с использованием наборов «СтероидИФА-кортизол» (АлкорБио, Россия).

Все статистические расчеты и визуализация данных были выполнены в среде программирования R (версия 4.3.1) с использованием пакетов *dplyr*, *janitor*, *lme4*, *lmerTest*, *lmttest*, *caret* и *ggplot2*.

На первом этапе был проведен расчет описательной статистики для всех изучаемых переменных. Для каждого показателя была проведена проверка на нормальность распределения с использованием критерия Шапиро – Уилка (SF.p). Для нормально распределенных признаков ($p > 0,05$) данные в итоговой таблице представлены как Среднее \pm Стандартное отклонение (Mean \pm SD). Для признаков, распределение которых значимо отличалось от нормального, были рассчитаны непараметрические показатели: медиана и межквартильный размах (Median, Q1 : Q3).

Для выявления наиболее значимых предикторов живой массы в 205 дней была построена множественная линейная регрессионная модель [23]. С целью минимизации риска мультиколлинеарности и построения наиболее parsimonичной (экономной) модели был применен метод автоматического пошагового отбора факторов с обратным исключением (backward stepwise regression), основанный на минимизации информационного критерия Акаике

(AIC). В качестве потенциальных предикторов в начальную модель были включены 15 переменных, показавших наиболее сильную корреляцию с зависимой переменной.

Была также рассмотрена возможность использования смешанной линейной модели (LMM) с идентификатором быка-отца в качестве случайного эффекта для учета иерархической структуры данных. Однако предварительный анализ показал, что дисперсия, обусловленная случайным эффектом «Отец», стремилась к нулю, что свидетельствует об отсутствии значимого вклада данного фактора в общую вариацию признака на исследуемой выборке ($n = 32$ животных с полными данными от 19 отцов). Данный результат, вероятно, обусловлен недостаточным количеством потомков на одного отца. В связи с этим для финальной интерпретации была использована более робастная в данных условиях модель с фиксированными эффектами.

Для проверки соответствия финальной регрессионной модели ее основным статистическим допущениям был проведен диагностический анализ остатков. Нормальность распределения остатков проверялась с помощью теста Шапиро – Уилка (SF.p) и визуально с помощью Q-Q-графика. Гомогенность дисперсии остатков (гомоскедастичность) оценивалась с помощью теста Бреуша – Пагана и анализа графика «Остатки против предсказанных значений».

Для оценки прогностической способности модели и ее устойчивости к переобучению, особенно важной для выборок небольшого объема, была проведена перекрестная проверка по методу исключения по одному (Leave-One-Out Cross-Validation, LOOCV). Были рассчитаны среднеквадратичная ошибка (RMSE) и коэффициент детерминации (R^2) для кросс-валидации как наиболее честные показатели качества модели на «новых» данных. Статистическая значимость была принята на уровне $p < 0,05$, а наличие тенденции – при $0,05 \leq p < 0,1$.

Результаты (Results)

Статистический анализ исходных данных показал значительную варибельность большинства изучаемых признаков (таблица 1). Живая масса телок при отъеме варьировала от 214 до 294 кг при среднем значении 259,05 кг, что свидетельствует о существенном разнообразии ростового потенциала внутри исследуемой группы. Важно отметить, что распределение большинства гематологических и биохимических показателей, согласно критерию Шапиро – Уилка, значимо отличалось от нормального, что является типичной картиной для биологических данных и оправдывает использование непараметрических описательных статистических величин, таких как медиана и межквартильный размах. В то же время ключевая зависимая переменная (живая масса в 205 дней), а также ряд показателей

продуктивности матерей (живая масса матерей в 205 дней и живая масса матерей в 12 месяцев) и белкового обмена (протеин, альбумин, глобулин) имели распределение, близкое к нормальному.

По результатам пошаговой регрессии с обратным исключением была построена финальная модель, включающая шесть наиболее значимых предикторов (таблица 2). Модель в целом оказалась статистически высокозначимой ($F = 3,241$, $p = 0,01776$) и объясняла 44,76 % общей вариации живой массы при отъеме ($R^2 = 0,4476$). Скорректированный коэффициент детерминации (R^2_{adj}), учитывающий число предикторов в модели, составил 0,3095, что также является хорошим показателем для сложных биологических систем.

На основе полученных коэффициентов итоговое уравнение регрессии для прогнозирования живой массы в 205-дневном возрасте ($ЖМ_{205}$) имеет следующий вид:

$$ЖМ_{205} (кг) = -4,60 (4,33 \times ЖМ_{рожд_мать}) - (2,60 \times \text{мочевина}) + (2,17 \times \text{холестерин}) + (0,61 \times HGB) - (0,31 \times ЖМ_{205_мать}) (9,69 \times PDW),$$

где $ЖМ_{рожд_мать}$ и $ЖМ_{205_мать}$ – живая масса матери при рождении и отъеме соответственно (кг);
 мочевина и холестерин – концентрация в сыворотке крови (ммоль/л);
 HGB – концентрация гемоглобина (г/л);
 PDW – ширина распределения тромбоцитов (%).

Таблица 1

Описательная статистика гематологических, биохимических и продуктивных показателей у исследуемой группы телок ($n = 46$)

Переменная	<i>n</i>	Тип распределения	Средняя тенденция	Изменчивость	Min	Max
Продуктивность телок						
Живая масса в 205 дней, кг	44	Нормальное	259,05	19,27	214	294
Живая масса в 12 месяцев, кг	44	Не нормальное	385,5	367,25–397,25	297	422
Биохимия телок						
Мочевина, ммоль/л	35	Не нормальное	5,05	3,61–6,92	2,58	15,03
Холестерин, ммоль/л	35	Не нормальное	5,53	3,54–6,84	0,69	14,41
Протеин, г/л	35	Нормальное	81,00	21,99	32,35	120,59
Гематология телок						
Гемоглобин, г/л	45	Не нормальное	108,0	102,1–115,0	12	134
Ширина распределения тромбоцитов, %	45	Нормальное	15,56	0,55	14,6	16,6
Продуктивность матерей						
Живая масса при рождении, кг	44	Не нормальное	25,0	24,5–25,0	15	28
Живая масса в 205 дней, кг	44	Нормальное	185,39	27,06	126	236

Примечание. Для признаков с нормальным распределением ($p > 0,05$ по критерию Шапиро – Уилка) приведены среднее (Mean) и стандартное отклонение (SD). Для признаков с ненормальным распределением – медиана (Median) и межквартильный размах [Q1–Q3].

Table 1

Descriptive statistics of hematological, biochemical and productive parameters in the studied group of heifers ($n = 46$)

Variable	<i>N</i>	Distribution	Central Tendency	Variability	Min	Max
Productivity of heifers						
Weight at 205 days, kg	44	Normal	259.05	19.27	214	294
Weight at 12 months, kg	44	Non-Normal	385.5	367.25–397.25	297	422
Biochemistry of heifers						
Urea, mmol/l	35	Non-Normal	5.05	3.61–6.92	2.58	15.03
Cholesterol, mmol/l	35	Non-Normal	5.53	3.54–6.84	0.69	14.41
Protein, g/l	35	Normal	81.00	21.99	32.35	120.59
Hematology of heifers						
Hemoglobin, g/l	45	Non-Normal	108.0	102.1–115.0	12	134
The width of platelets distribution, %	45	Normal	15.56	0.55	14.6	16.6
Mothers' productivity						
Weight at 205 days, kg	44	Non-Normal	25.0	24.5–25.0	15	28
Weight at 12 months, kg	44	Normal	185.39	27.06	126	236

Note. For features with a normal distribution ($p > 0.05$ according to the Shapiro – Wilk criterion), the Mean and Standard Deviation (SD) are given. For features with an abnormal distribution – the Median and the Interquartile range [Q1–Q3] are used.

Результаты множественного регрессионного анализа для параметра «Живая масса в 205 дней» ($n = 31$)

Предиктор	Коэффициент	Стандартная ошибка	t-значение	p-уровень
Свободный член	-4,60	97,56	-0,05	0,9628
Живая масса матери при рождении, кг	4,33	1,44	3,01	0,0060**
Мочевина, ммоль/л	-2,60	1,15	-2,27	0,0324*
Холестерин, ммоль/л	2,17	1,04	2,10	0,0467*
Гемоглобин, г/л	0,61	0,33	1,83	0,0794
Живая масса в 205 дней, кг	-0,31	0,17	-1,76	0,0919
Ширина распределения тромбоцитов, %	9,69	5,68	1,71	0,1009

Примечание. $R^2_{adj} = 0,3095$; F-статистика $p = 0,01776$; уровни достоверности ** 0,01, * 0,05.

Table 2

Results of multiple regression analysis for the "Weight at 205 days" ($n = 31$)

Term	Estimate	Standard error	Statistic	p-value
Intercept	-4.60	97.56	-0.05	0.9628
Weight mother at birth, kg	4.33	1.44	3.01	0.0060**
Urea, mmol/l	-2.60	1.15	-2.27	0.0324*
Cholesterol, mmol/l	2.17	1.04	2.10	0.0467*
Hemoglobin, g/l	0.61	0.33	1.83	0.0794
Weight at 205 days, kg	-0.31	0.17	-1.76	0.0919
The width of platelets distribution, %	9.69	5.68	1.71	0.1009

Note. $R^2_{adj} = 0.3095$; F-statistic p-value = 0.01776, significance levels: ** 0.01, * 0.05.

Детальная статистическая характеристика каждого коэффициента в модели представлена в таблице 2.

Анализ коэффициентов регрессии (таблица 2) позволяет не только констатировать наличие связи, но и дать количественную и биологическую оценку вклада каждого фактора в формирование живой массы при отъеме.

Вес матери при рождении оказал наиболее сильное и статистически значимое ($p = 0,006$) влияние. Коэффициент 4,33 означает, что каждый дополнительный килограмм веса, который имела мать при своем рождении, ассоциирован с увеличением живой массы ее дочери при отъеме на 4,33 кг при прочих равных условиях. Биологически это является прямым отражением наследуемости генетического потенциала роста. Коровы, которые сами обладали высоким потенциалом пренатального роста, передают соответствующие аддитивные гены своему потомству, что и реализуется в виде большей массы телок в подсосный период.

Для концентрации мочевины выявлена значимая ($p = 0,032$) отрицательная связь с зависимой переменной. Коэффициент -2,60 показывает, что с увеличением концентрации мочевины в сыворотке на 1 ммоль/л прогнозируемая живая масса при отъеме снижается на 2,60 кг. Мочевина является конечным продуктом белкового катаболизма. У интенсивно растущих животных ее высокий уровень редко связан с избытком кормового протеина, а чаще свидетельствует о недостатке доступной энергии в рационе. В этом случае организм начинает использовать аминокислоты в качестве источника энергии (глюконеогенез), что приводит к повышению уров-

ня мочевины и, естественно, к снижению темпов синтеза собственных белков тела. Таким образом, низкий уровень мочевины является надежным биомаркером эффективного анаболического метаболизма, когда поступающий протеин используется преимущественно на рост.

Для холестерина установлена значимая ($p = 0,047$) положительная связь с живой массой в 205 дней. Коэффициент 2,17 интерпретируется как увеличение живой массы при отъеме на 2,17 кг на каждый 1 ммоль/л прироста концентрации холестерина. Холестерин играет двойную роль в растущем организме: он является незаменимым структурным компонентом клеточных мембран и предшественником для синтеза стероидных гормонов (включая половые и кортикостероиды). Его адекватный уровень свидетельствует о положительном энергетическом балансе и высокой активности печени, что необходимо для поддержания интенсивного клеточного деления и построения новых тканей.

Примечательно, что такие гематологические показатели, как содержание гемоглобина и ширина распределения тромбоцитов, а также вес матери при отъеме, показали влияние на уровне статистической тенденции ($0,05 \leq p < 0,1$).

Концентрация гемоглобина в крови телок имеет положительный коэффициент 0,61 ($p = 0,079$), что указывает на тенденцию к увеличению веса у животных с более высокой концентрацией гемоглобина. Это биологически ожидаемо, поскольку гемоглобин обеспечивает транспорт кислорода к тканям, и его высокий уровень отражает способность поддерживать высокий аэробный метаболизм, необходимый для интенсивного роста.

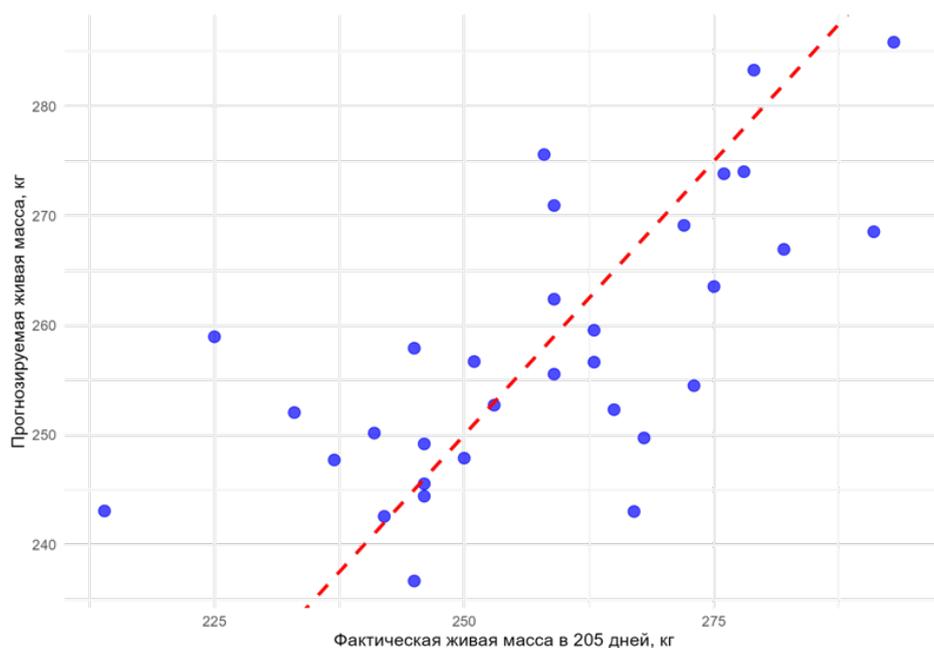


Рис. 1. Соотношение фактической и прогнозируемой живой массы телок в 205-дневном возрасте. По оси абсцисс – фактическая живая масса, кг; по оси ординат – живая масса, спрогнозированная моделью. Пунктирная линия представляет собой идеальный прогноз, где фактическое значение равно прогнозируемому

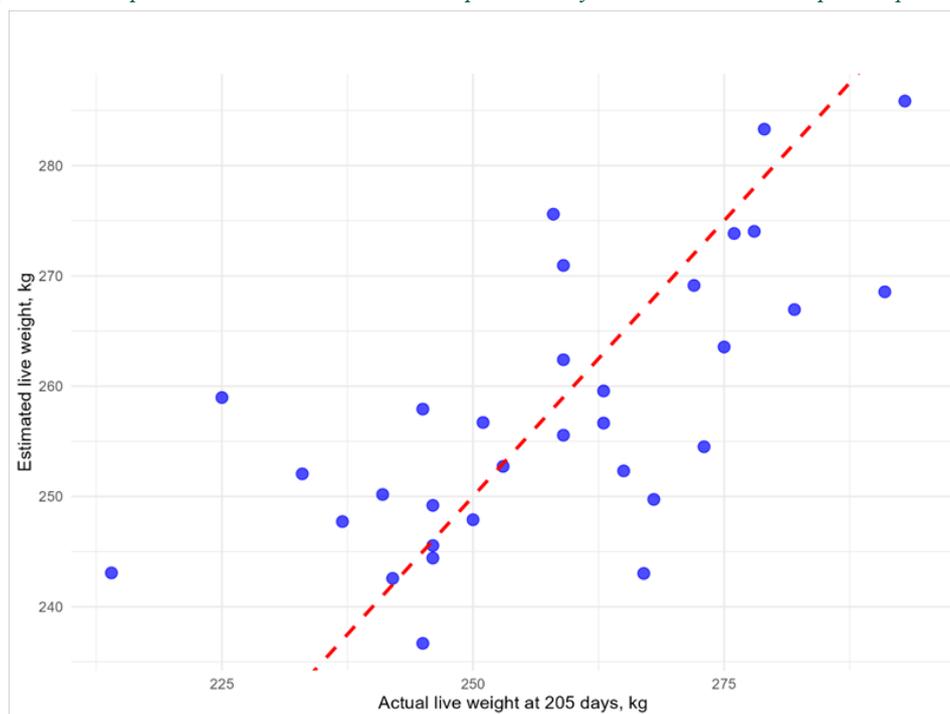


Fig. 1. The ratio of the actual and predicted live weight of heifers at the age of 205 days. On the abscissa axis is the actual live weight, kg; on the ordinate axis is the live weight predicted by the model. The dotted line represents an ideal forecast, where the actual value is equal to the predicted value

Вес матери при отъеме показывает отрицательную тенденцию (коэффициент $-0,31$, $p = 0,092$) с зависимой переменной. Это означает, что при учете всех остальных факторов телки от матерей, которые сами были тяжелее при отъеме, оказываются немного легче. Данный результат может быть следствием статистической мультиколлинеарности (так как этот признак коррелирует с весом матери при

рождении, уже включенным в модель). Альтернативно это может указывать на биологический антагонизм между собственным интенсивным ростом коровы в молодости и ее последующими материнскими качествами, в частности молочностью. Этот сложный вопрос требует дальнейшего изучения на более крупных выборках.

Ширина распределения тромбоцитов имеет положительную тенденцию ($p = 0,101$) с массой в 205 дней, который не имеет очевидной прямой биологической интерпретации в контексте роста и, вероятно, либо является случайной находкой, либо косвенно отражает некие общие аспекты состояния здоровья, не уловленные другими переменными.

Положительная связь с гемоглобином биологически объяснима: более высокая кислородная емкость крови обеспечивает лучший метаболизм в тканях. В то же время слабая отрицательная тенденция для веса матери при отъеме может быть статисти-

ческим артефактом или требовать дальнейшего изучения на предмет возможного антагонизма между ростовыми и материнскими качествами.

Для подтверждения надежности полученных результатов была проведена полная диагностика допущений регрессионной модели. Анализ остатков показал их нормальное распределение (тест Шапиро – Уилка, $W = 0,973$, $p = 0,604$) и гомогенность дисперсии (тест Бреуша – Пагана, $BP = 2,80$, $p = 0,833$). Это свидетельствует о том, что модель корректна, а оценки ее коэффициентов и их значимости являются несмещенными и надежными.

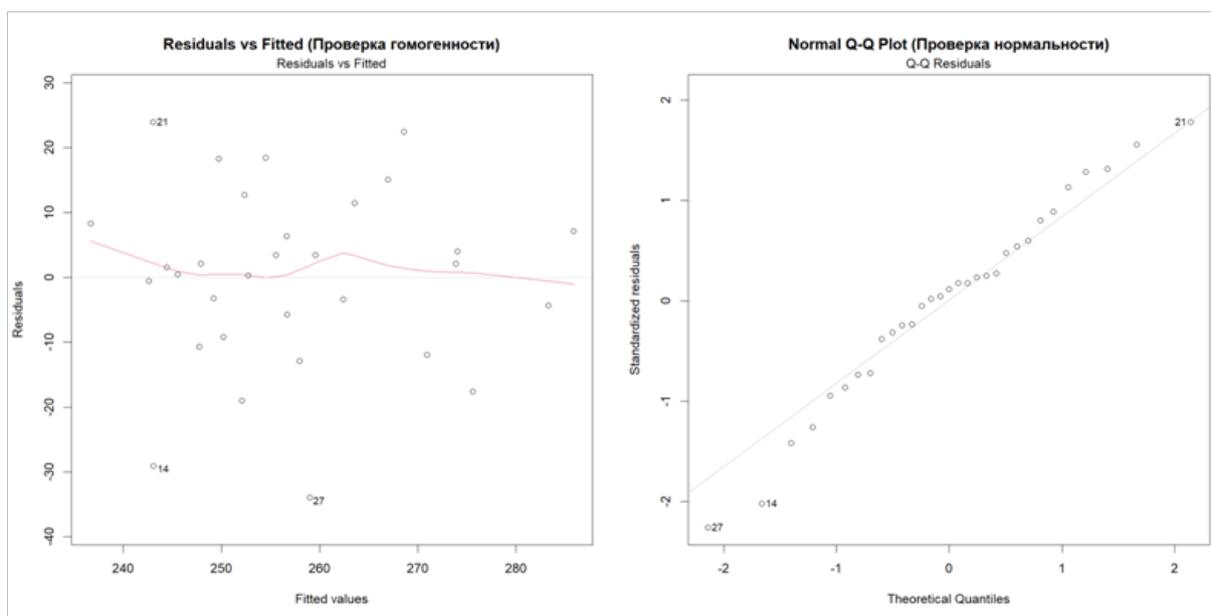


Рис. 2. Анализ остатков модели в зависимости от прогнозируемых значений.

По оси абсцисс – прогнозируемая живая масса, кг; по оси ординат – остатки модели (фактический вес – прогнозируемый вес), кг. Хаотичное распределение точек вокруг нулевой линии подтверждает допущение о гомогенности дисперсии

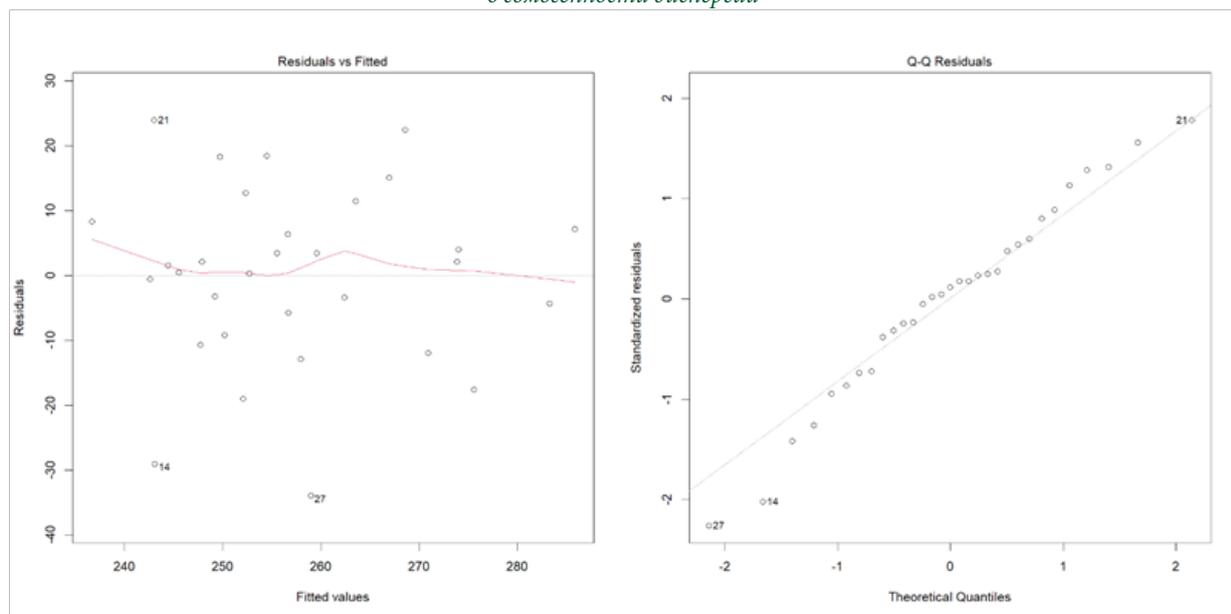


Fig. 2. Analysis of the model residuals depending on the predicted values.

On the abscissa axis, the predicted live weight, kg; on the ordinate axis, the remnants of the model (actual weight – predicted weight), kg. The chaotic distribution of points around the zero line confirms the assumption of homogeneity of variance

Для оценки реальной прогностической силы модели на новых данных была проведена перекрестная проверка методом исключения по одному (LOOCV). Среднеквадратичная ошибка прогноза (RMSE) составила 16,33 кг. Коэффициент детерминации на кросс-валидации (R^2) составил 0,243.

Как видно из рис. 1, предсказанные моделью значения хорошо коррелируют с фактическими, что визуально подтверждает ее работоспособность. Кросс-валидация дала честную оценку ее предсказательной силы. Снижение R^2 с 0,447 до 0,243 является ожидаемым для выборки небольшого объема и указывает на наличие некоторого переобучения. Тем не менее тот факт, что модель сохраняет способность объяснять ~24 % вариации на независимых данных, доказывает робастность выявленных связей и подтверждает, что они не являются случайной находкой. Средняя ошибка прогноза в ~16 кг является приемлемой для практического применения в условиях реального производства.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Целью нашего исследования являлись разработка и проведение валидации прогностической модели, описывающей влияние биохимических, гематологических и наследственных факторов на живую массу телок герефордского скота при отъеме в возрасте 205 дней. Насущной проблемой современного животноводства являются методы, позволяющие оценивать потенциал продуктивности животных на ранних этапах и при этом имеющие сравнительно невысокую стоимость реализации. Особенно это актуально для мясного скотоводства в связи как с относительно длительным периодом выращивания по сравнению со свиньями или сельскохозяйственной птицей, так и с технологическими особенностями. Круглогодичное содержание на пастбищах или под открытым небом в зимних загонах значительно затрудняет индивидуальный и систематический учет продуктивности молодняка, что, в свою очередь, не позволяет своевременно проводить отбор или дифференцировать группы с разной скоростью роста [24].

При этом оценка племенной ценности мясного скота является важнейшим аспектом при организации отбора молодняка как в племенных, так и в товарных хозяйствах. Наиболее точной и важной в настоящее время является геномная оценка животных, однако для многих сельскохозяйственных предприятий она сложна в реализации, в том числе и по экономическим причинам [25], однако это не отменяет необходимости оценивать племенной потенциал и составлять прогноз продуктивности для молодняка. Методы математического моделирования и создание прогностических моделей на основании ряда доступных предикторов апробированы и показали свою эффективность для разных видов животных и растений [26; 27]. Включение результатов работы авторов в схемы селекции или управления производством являлось важным фактором для увеличения как сохранности поголовья, так и понимания процессов, происходящих в селекционных группах, и давало возможность управлять этими процессами.

Проведенное нами исследование позволило разработать и валидировать статистически надежную модель для прогнозирования живой массы телок мясного скота при отъеме. Наибольшее и статистически значимое влияние оказывает вес матери при ее рождении: каждый дополнительный килограмм веса матери ассоциирован с увеличением живой массы ее дочери в 205-дневном возрасте на 4,33 кг ($p = 0,006$). Это прямо свидетельствует о наследуемости генетического потенциала роста. Существенную роль играют и биохимические показатели, отражающие эффективность белкового (мочевина) и энергетического (холестерин) обмена. Полученные результаты могут быть использованы для разработки систем ранней диагностики и отбора физиологически эффективных животных, что открывает новые возможности для интенсификации селекционной работы и повышения рентабельности мясного скотоводства.

Библиографический список

1. Барсукова М. А. Динамика численности и продуктивности племенного скота породы герефорд в Новосибирской области // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2024. № 5. С. 79–84. DOI: 10.31857/S2500208224050162.
2. Coleman L., Back P., Blair H., López-Villalobos N., Hickson R. Sire effects on birth weight, gestation length, and pre-weaning growth of beef-cross-dairy calves: a case study in New Zealand // Dairy. 2021. Vol. 2, No. 3. Pp. 385–395. DOI: 10.3390/dairy2030030.
3. Satoh M. Genetic improvements in closed breeding herds of pigs in Japan // Nihon Chikusan Gakkaiho. 2025. Vol. 96, No. 2. Pp. 115–126. DOI: 10.2508/chikusan.96.115.
4. Martín N., Coleman L., López-Villalobos N., Schreurs N., Morris S., Blair H., McDade J., Back P., Hickson R. Estimated breeding values of beef sires can predict performance of beef-cross-dairy progeny // Frontiers in Genetics. 2021. Vol. 12. DOI: 10.3389/fgene.2021.712715.
5. Genena S. K., Ebrahim S. Z. Impact of calves gender birth weights on predicting the future performance of Friesian cattle under farm conditions // JAVR. 2023. Vol. 13, No. 10. Pp. 1907–1913.

6. Барсукова М. А., Нарожных К. Н., Себежко О. И., Иванова О. А. Анализ возрастных различий гематологических признаков скота породы герефорд // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2025. № 2. С. 84–90. DOI: 10.31857/S2500208225020173.
7. Нохрин Д. Ю., Соколова О. В., Белоусов А. И. [и др.]. Нелинейные главные компоненты биохимического профиля молочного скота пяти пород // Аграрный вестник Урала. 2024. Т. 24, № 8. С. 1056–1070. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-24-08-1056-1070.
8. Зеленченкова А. А., Сивкина О. Н., Зайцев С. Ю. Кровь как метод оценки благополучия свиней на откорме // Аграрный вестник Урала. 2025. Т. 25, № 3. С. 422–433. DOI: 10.32417/1997-4868-2025-25-03-422-433.
9. Onmaz A. C., Güneş V., Çınar M., Çitil M., Keleş İ. Hematobiochemical profiles, mineral concentrations and oxidative stress indicators in beef cattle with pica // Italian Journal of Animal Science. 2019. Vol. 18. Pp. 162–167.
10. Shukry M., Abd El-Kader M. F., Hendam B. M., Dawood M. A. O., Farrag F. A., Aboelenin S. M., Soliman M. M., Abdel-Latif H. M. R. Dietary *Aspergillus oryzae* modulates serum biochemical indices, immune responses, oxidative stress, and transcription of HSP70 and cytokine genes in Nile tilapia exposed to salinity stress // Animals. 2021. Vol. 11, No. 6. Article number 1621. DOI: 10.3390/ani11061621.
11. Барсукова М. А., Себежко О. И. Возрастные и наследственные факторы, влияющие на гематологические показатели герефордской породы крупного рогатого скота // Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108, № 1. С. 73–85. DOI: 10.33284/2658-3135-108-1-73.
12. Condon T., Murphy C. P., Sleator R. D., Ring S. C., Berry D. P. The association between calf birth weight and the postcalving performance of its dairy dam in the absence of dystocia // Journal of Dairy Science. 2024. Vol. 107, No. 6. Pp. 3688–3699. DOI: 10.3168/jds.2023–24164.
13. Basiel B. L., Barragan A. A., Felix T. L., Dechow C. D. The impact of beef sire breed on dystocia, stillbirth, gestation length, health, and lactation performance of cows that carry beef × dairy calves // Journal of Dairy Science. 2024. Vol. 107. Pp. 2241–2252. DOI: 10.3168/jds.2023–24112.
14. Feng Y., Zhao W., Lu X., Gao X., Zhang Q., Zhang B., Wang B., Zhong F., Han M., Chen Z. Estimation of genetic parameters for body weight and its stability in Huaxi cows from Xinjiang region // Animals. 2025. Vol. 15, No. 15. Article number 2248. DOI: 10.3390/ani15152248.
15. Bonifazi R., Calus M. P. L., Ten Napel J., Veerkamp R. F., Biffani S., Cassandro M., Savoia S., Vandemplas J. Integration of beef cattle international pedigree and genomic estimated breeding values into national evaluations, with an application to the Italian Limousin population // Genetics Selection Evolution. 2023. Vol. 55. Article number 41. DOI: 10.1186/s12711-023-00813-2.
16. Camargo-Júnior R. N. C., de Araújo C. V., de Souza Teixeira C., et al. Effect of the genotype and environment interaction on body weight traits in Nelore cattle (*Bos indicus*) // Tropical Animal Health and Production. 2025. Vol. 57. Article number 272. DOI: 10.1007/s11250-025-04516-2.
17. De Carvalho Ribeiro A. C., de Mello M. R. B., Barbero M. M. D., de Oliveira D., Couto S., Barbero R. P. Reproductive system morphometry and productive parameters of beef heifers according to morphological classification // Tropical Animal Health and Production. 2024. Vol. 56. Article number 101: DOI:10.1007/s11250-024-03949-5.
18. Narozhnykh K. N., Kamaldinov E. V., Bogdanova O. V., et al. Prediction of milk productivity based on conformation traits in cows // International Journal of Chemical and Biochemical Sciences. 2023. Vol. 24, No. 6. Pp. 521–529.
19. Masmeijer C., Deprez P., van Leenen K., De Cremer L., Cox E., Devriendt B., Pardon B. Arrival cortisol measurement in veal calves and its association with body weight, protein fractions, animal health and performance // Preventive Veterinary Medicine. 2021. Vol. 187. Article number 105251. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2020.105251.
20. Себежко О. И., Климанова Е. А., Нарожных К. Н. [и др.]. Содержание и изменчивость показателей азотистого обмена у крупного рогатого скота голштинской породы в условиях Западной Сибири // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2022. № 3 (64). С. 125–133. DOI: 10.31677/2072-6724-2022-64-3-125-133.
21. Wang S., Li Q., Peng J., Niu H. Effects of long-term cold stress on growth performance, behavior, physiological parameters, and energy metabolism in growing beef cattle // Animals. 2023. Vol. 13, No. 10. Pp. 1619. DOI: 10.3390/ani13101619.
22. Mondal B., Parvez M., Rana M. M., Rahman L., Zahan R., Pal K. C., Khan W. A. Status of red blood cell indices in iron deficiency anemia and β thalassaemia trait: a comparative study // Dhaka Shishu (Children) Hospital Journal. 2021. Vol. 37. Pp. 9–14.
23. Schumacher F. L., Matos L. A., Lachos V. H. skewlmm: an R package for fitting skewed and heavy-tailed linear mixed models // Journal of Statistical Software. 2025. Vol. 115, No. 7. DOI: 10.18637/jss.v115.i07.

24. Fajardo M., Morgan S. A., Chilibroste P., Lee M. R. F., Rivero M. J. Animal and pasture responses in contrasting temperate pasture-based cattle management systems: set-stocking versus cell grazing // *Animal*. 2025. Vol. 19, No. 10. Article number 101635. DOI: 10.1016/j.animal.2025.101635.

25. Zhou L., Zhu L., Ma F., Gu M., Na R., Zhang W. Assessing the impact of different mixing strategies on genomic prediction accuracy for beef cattle breeding values in multi-breed genomic prediction // *Animals*. 2025. Vol. 15, No. 16. Article number 2463. DOI: 10.3390/ani15162463.

26. Amongi W., Nkalubo S. T., Ochwo-Ssemakula M., Badji A., Dramadri I. O., Odongo T. L., Nuwamanya E., Tukamuhabwe P., Izquierdo P., Cichy K., Kelly J., Mukankusi C. Genetic clustering, and diversity of African panel of released common bean genotypes and breeding lines // *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2023. Vol. 70. Pp. 2063–2076.

27. Sell-Kubiak E. Selection for litter size and litter birthweight in Large White pigs: Maximum, mean and variability of reproduction traits // *Animal*. 2021. Vol. 15, No. 10. Article number 100352. DOI: 10.1016/j.animal.2021.100352.

Об авторах:

Кирилл Николаевич Нарожных, кандидат биологических наук, доцент кафедры прикладной биоинформатики, Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия; ORCID 0000-0002-1519-697X, AuthorID 654429. *E-mail*: nkn.88@mail.ru

Мария Андреевна Барсукова, кандидат биологических наук, доцент кафедры частной зоотехнии и кормления животных, Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия; ORCID 0009-0000-7022-6011, AuthorID 269451. *E-mail*: mariabar23@yandex.ru

References

1. Barsukova M. A. Dynamics of the number and productivity of breeding cattle of the Hereford breed in the Novosibirsk region. *Bulletin of the Russian Agricultural Science*. 2024; 5: 79–84. DOI: 10.31857/S2500208224050162. (In Russ.)

2. Coleman L., Back P., Blair H., López-Villalobos N., Hickson R. Sire effects on birth weight, gestation length, and pre-weaning growth of beef-cross-dairy calves: a case study in New Zealand. *Dairy*. 2021; 2 (3): 385–395. DOI: 10.3390/dairy2030030.

3. Satoh M. Genetic improvements in closed breeding herds of pigs in Japan. *Nihon Chikusan Gakkaiho*. 2025; 96 (2): 115–126. DOI: 10.2508/chikusan.96.115.

4. Martín N., Coleman L., López-Villalobos N., Schreurs N., Morris S., Blair H., McDade J., Back P., Hickson R. Estimated breeding values of beef sires can predict performance of beef-cross-dairy progeny. *Frontiers in Genetics*. 2021; 12. DOI: 10.3389/fgene.2021.712715.

5. Genena S. K., Ebrahim S. Z. Impact of calves gender birth weights on predicting the future performance of friesian cattle under farm conditions. *JAVR*. 2023; 13 (10): 1907–1913.

6. Barsukova M. A., Narozhnykh K. N., Sebezhko O. I., Ivanova O. A. Analysis of age differences in hematological characteristics of Hereford cattle. *Bulletin of the Russian Agricultural Science*. 2025; 2: 84–90. DOI: 10.31857/S2500208225020173. (In Russ.)

7. Nokhrin D. Yu., Sokolova O. V., Belousov A. I., et al. Nonlinear main components of the biochemical profile of dairy cattle of five breeds. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024; 24 (8): 1056–1070. DOI: 10.32417/1997-4868-2024-24-08-1056-1070. (In Russ.)

8. Zelenchenkova A. A., Sivkina O. N., Zaytsev S. Yu. Blood as a method of assessing the well-being of fattening pigs. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2025; 25 (3): 422–433. DOI: 10.32417/1997-4868-2025-25-03-422-433. (In Russ.)

9. Onmaz A. C., Güneş V., Çınar M., Çitil M., Keleş İ. Hematobiochemical profiles, mineral concentrations and oxidative stress indicators in beef cattle with pica. *Italian Journal of Animal Science*. 2019; 18: 162–167.

10. Shukry M., Abd El-Kader M. F., Hendam B. M., Dawood M. A. O., Farrag F. A., Aboelenin S. M., Soliman M. M., Abdel-Latif H. M. R. Dietary *Aspergillus oryzae* modulates serum biochemical indices, immune responses, oxidative stress, and transcription of HSP70 and cytokine genes in Nile tilapia exposed to salinity stress. *Animals*. 2021; 11 (6): 1621. DOI: 10.3390/ani11061621.

11. Barsukova M. A., Sebezhko O. I. Age and hereditary factors affecting the hematological parameters of the Hereford cattle breed. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025; 108 (1): 73–85. DOI: 10.33284/2658-3135-108-1-73. (In Russ.)

12. Condon T., Murphy C. P., Sleator R. D., Ring S. C., Berry D. P. The association between calf birth weight and the postcalving performance of its dairy dam in the absence of dystocia. *Journal of Dairy Science*. 2024; 107 (6): 3688–3699. DOI: 10.3168/jds.2023–24164.

13. Basiel B. L., Barragan A. A., Felix T. L., Dechow C. D. The impact of beef sire breed on dystocia, stillbirth, gestation length, health, and lactation performance of cows that carry beef × dairy calves. *Journal of Dairy Science*. 2024; 107: 2241–2252. DOI: 10.3168/jds.2023–24112.
14. Feng Y., Zhao W., Lu X., Gao X., Zhang Q., Zhang B., Wang B., Zhong F., Han M., Chen Z. Estimation of genetic parameters for body weight and its stability in Huaxi cows from Xinjiang region. *Animals*. 2025; 15 (15): 2248. DOI: 10.3390/ani15152248.
15. Bonifazi R., Calus M. P. L., Ten Napel J., Veerkamp R. F., Biffani S., Cassandro M., Savoia S., Vandennplas J. Integration of beef cattle international pedigree and genomic estimated breeding values into national evaluations, with an application to the Italian Limousin population. *Genetics Selection Evolution*. 2023; 55: 41. DOI: 10.1186/s12711-023-00813-2.
16. Camargo-Júnior R. N. C., de Araújo C. V., de Souza Teixeira C., de Araújo S. I., Lôbo R. B., Nakabashi L. R. M., Mendes de Castro L. M., Menezes F. L., Maciel E. S. A. G., Marques J. R. F., et al. Effect of the genotype and environment interaction on body weight traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). *Tropical Animal Health and Production*. 2025; 57: 272. DOI: 10.1007/s11250-025-04516-2.
17. De Carvalho Ribeiro A. C., de Mello M. R. B., Barbero M. M. D., de Oliveira D., Couto S., Barbero R. P. Reproductive system morphometry and productive parameters of beef heifers according to morphological classification. *Tropical Animal Health and Production*. 2024; 56: 101. DOI: 10.1007/s11250-024-03949-5.
18. Narozhnykh K. N., Kamaldinov E. V., Bogdanova O. V., et al. Prediction of milk productivity based on conformation traits in cows. *International Journal of Chemical and Biochemical Sciences*. 2023; 24 (6): 521–529.
19. Masmeijer C., Deprez P., van Leenen K., De Cremer L., Cox E., Devriendt B., Pardon B. Arrival cortisol measurement in veal calves and its association with body weight, protein fractions, animal health and performance. *Preventive Veterinary Medicine*. 2021; 187: 105251. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2020.105251.
20. Sebezko O. I., Klimanova E. A., Narozhnykh K. N., et al. The content and variability of nitrogen metabolism in Holstein cattle in Western Siberia. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2022; 3 (64): 125–133. DOI: 10.31677/2072-6724-2022-64-3-125-133. (In Russ.)
21. Wang S., Li Q., Peng J., Niu H. Effects of long-term cold stress on growth performance, behavior, physiological parameters, and energy metabolism in growing beef cattle. *Animals*. 2023; 13 (10): 1619. DOI: 10.3390/ani13101619.
22. Mondal B., Parvez M., Rana M. M., Rahman L., Zahan R., Pal K. C., Khan W. A. Status of red blood cell indices in iron deficiency anemia and β thalassaemia trait: a comparative study. *Dhaka Shishu (Children) Hospital Journal*. 2021; 37: 9–14.
23. Schumacher F. L., Matos L. A., Lachos V. H. skewlmm: an R package for fitting skewed and heavy-tailed linear mixed models. *Journal of Statistical Software*. 2025; 115 (7). DOI: 10.18637/jss.v115.i07.
24. Fajardo M., Morgan S. A., Chilbroste P., Lee M. R. F., Rivero M. J. Animal and pasture responses in contrasting temperate pasture-based cattle management systems: set-stocking versus cell grazing. *Animal*. 2025; 19 (10): 101635. DOI: 10.1016/j.animal.2025.101635.
25. Zhou L., Zhu L., Ma F., Gu M., Na R., Zhang W. Assessing the impact of different mixing strategies on genomic prediction accuracy for beef cattle breeding values in multi-breed genomic prediction. *Animals*. 2025; 15 (16): 2463. DOI: 10.3390/ani15162463.
26. Amongi W., Nkalubo S. T., Ochwo-Ssemakula M., Badji A., Dramadri I. O., Odongo T. L., Nuwamanya E., Tukamuhabwe P., Izquierdo P., Cichy K., Kelly J., Mukankusi C. Genetic clustering, and diversity of African panel of released common bean genotypes and breeding lines. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2023; 70: 2063–2076.
27. Sell-Kubiak E. Selection for litter size and litter birthweight in Large White pigs: Maximum, mean and variability of reproduction traits. *Animal*. 2021; 15 (10): 100352. DOI: 10.1016/j.animal.2021.100352.

Authors' information:

Kirill N. Narozhnykh, candidate of biological sciences, associate professor of the department of applied informatics, Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia; ORCID 0000-0002-1519-697X, AuthorID 654429. *E-mail*: nkn.88@mail.ru

Mariya A. Barsukova, candidate of biological sciences, associate professor of the department of private animal science and animal feeding, Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia; ORCID 0009-0000-7022-6011, AuthorID 269451. *E-mail*: mariabar23@yandex.ru