

УДК 636.4.082

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2021.118.32>

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦІЙ СВИНЕЙ РІЗНИХ ПОРІД ЗА ГЕНАМИ CTSL ТА MC4R¹

Лихач В.Я. – д.с.-г.н., доцент,

в. о. завідувача кафедри технологій у птахівництві, свинарстві та вітчарстві,
Національний університет біоресурсів і природокористування України

Луговий С.І. – д.с.-г.н., доцент,

в. о. завідувача кафедри генетики, годівлі тварин та біотехнології,
Миколаївський національний аграрний університет

Атаманюк І.П. – д.техн.н., професор,

завідувач кафедри вищої та прикладної математики,
Миколаївський національний аграрний університет

Крамаренко О.С. – к.с.-г.н.,

старший викладач к–афедри технології переробки,
стандартизації і сертифікації продукції тваринництва,
Миколаївський національний аграрний університет

Фаустов Р.В. – аспірант кафедри технології виробництва
продукції тваринництва,

Миколаївський національний аграрний університет

Одним із важливих завдань селекційної роботи у свинарстві є розроблення критеріїв прогнозування генетичної цінності особин за основними господарсько-корисними ознаками. Основною метою роботи є аналіз генетичної структури популяції свиней різних порід за двома QTL-генами (CTSL та MC4R). Дослідження проведено на підставі генотипування основного стада чистопородних свиней порід велика біла, українська м'ясна, ландрас, дюрок та п'єтрен. Молекулярно-генетичне тестування проводилося в лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН України. Для кожної популяції свиней було оцінено такі генетично-популяційні показники, як: частота генотипів та алелів, ефективна кількість алелів, фактична та очікувана гетерозиготність, індекс фіксації.

Ген CTSL у тварин усіх порід був поліморфним. Частота алеля CTSL¹ була найвищою у свиней породи дюрок (0,706), а найнижчою – у тварин породи ландрас (0,067). Виявлено дефіцит гетерозигот серед свиней порід дюрок, велика біла, п'єтрен та українська м'ясна, про що свідчать високі позитивні значення індексу фіксації ($F_{is} = 0,433, 0,192, 0,167$ та $0,137$, відповідно).

Ген MC4R у свиней порід українська м'ясна, дюрок, п'єтрен та велика біла виявився поліморфним, тоді як у тварин породи ландрас він був мономорфним. Найвища частота алеля MC4R^A виявлена у свиней породи дюрок (0,706). Крім того, у тварин породи дюрок найбільш розповсюдженим був генотип MC4R^{AA} (0,588). Тварини порід п'єтрен та українська м'ясна характеризувалися більш високим генетичним розмаїттям за ефективною кількістю алелів гена MC4R, ніж представники інших порід.

Популяція свиней породи дюрок характеризувалася дефіцитом гетерозигот за обома дослідженими генами, а популяція великої білої породи мала позитивне значення індексу фіксації за геном CTSL.

Ключові слова: генетична структура популяції, ген CTSL, ген MC4R, свині.

Lykhach V.Ya., Lugovoy S.I., Atamanyuk I.P., Kramarenko A.S., Faustov R.V. Genetic population structure of different pig breeds based on CTSL and MC4R genes

The development of criteria for predicting the genetic value of individuals in relation to the main economically useful traits is one of the important tasks (goal, problem) of selection work in pig breeding. The main purpose of the work was to analyze the genetic population structure of different pig breeds based on two QTL-genes (CTSL and MC4R).

¹ Робота виконана в рамках фінансування за держбюджетною тематикою Міністерства освіти і науки України (номер державної реєстрації – 0119U001042).

The study was carried out on the basis of genotyping of the main herd of purebred pigs of Large White, Ukrainian Meat, Landrace, Duroc and Pietrain breeds. Molecular genetic testing was carried out in the laboratory of genetics of the Institute of Pig Breeding and AIP NAAS Ukraine (Poltava). For each population of pigs, the following population genetic parameters were assessed: the frequency of genotypes and alleles, effective number of alleles, observed and expected heterozygosity, fixation index.

The *CTSL* gene was polymorphic in animals of all breeds. The frequency of the *CTSL*^T allele was highest in Duroc pigs (0.706), and the lowest was in Landrace animals (0.067). The heterozygote deficit was found among pigs of the Duroc, Large White, Pietrain and Ukrainian Meat breeds, as evidenced by the high positive values of the fixation index ($F_{is} = 0.433, 0.192, 0.167$ and 0.137 , respectively).

The *MC4R* gene was polymorphic in Ukrainian Meat, Duroc, Pietrain and Large White pigs, while in Landrace breed it was monomorphic. The highest frequency of the *MC4R*^A allele was found in Duroc pigs (0.706). In addition, the *MC4R*^{AA} genotype (0.588) was the most common in animals of the Duroc breed. The populations of Pietrain and Ukrainian Meat pigs were characterized by higher genetic diversity in terms of the effective number alleles for *MC4R* gene than populations of other breeds.

The population of the Duroc breed was characterized by the heterozygote deficit for both studied genes, and the population of the Large White breed had a positive value of the fixation index for the *CTSL* gene.

Key words: genetic structure of the population, *CTSL* gene, *MC4R* gene, pigs.

Постановка проблеми. Одним із важливих завдань селекційної роботи у свинарстві є розроблення критеріїв прогнозування генетичної цінності особин за основними господарсько-корисними ознаками. Розвиток і формування певних ознак відбувається залежно від умов життя особини, але в межах норми реакції її генотипу. Господарсько-корисні ознаки визначаються багатьма генами, а також умовами, в яких протікає розвиток цих ознак [1; 2].

Розшифрування геномів сільськогосподарських тварин, створення генетичних карт, вивчення будови певних генів посприяло розвитку *маркер-залежної селекції* (MAS, англ.) – селекції на основі ДНК-маркерів (певних ділянок нуклеотидної послідовності) [3; 4].

Ступінь впливу і рівень інформативності більшості генів-маркерів залежать від генотипової конструкції популяцій («груповий генотип»). Впровадження у селекційний процес генів-маркерів має неодмінно супроводжуватися вивченням взаємозв'язку генотипів із продуктивними якостями на тлі існуючого «групового генотипу» популяцій, тобто потрібен синтез традиційних і молекулярно-генетичних методів.

Визначення генотипу тварини за локусами кількісних ознак (Quantitative Trait Loci, QTL) дає можливість передбачати її генетичний потенціал та господарську цінність на рівні ДНК, ще до народження.

Зокрема, для прогнозування м'ясної продуктивності свиней використовують такі ДНК-маркери, як: ген катепсина L (*CTSL*), ген рецептора меланокортину 4 (*MC4R*), ген інсуліноподібного фактору росту-2 (*IGF-2*), група генів, що кодуєть білки, які зв'язують жирні кислоти (*FABP*), ген гіпофізарного транскрипційного фактору-1 (*POU1F1*) тощо. Згідно з дослідженнями, проведеними на свинях породи дюрок [5] та італійської великої білої породи, ген катепсина L (*CTSL*) також є геном, що бере участь у формуванні відгодівельних і м'ясних якостей свиней [6; 7].

Постановка завдання. Основною метою роботи є аналіз генетичної структури популяцій свиней різних порід за генами *CTSL* та *MC4R*.

Матеріали і методи досліджень. Дослідження проведено на підставі генотипування основного стада чистопородних свиней порід велика біла,

українська м'ясна, ландрас, дюрок та п'єстрен, які належать ТОВ «Таврійські свині» (м. Скадовськ, Херсонська область), за генами *CTSL* та *MC4R*.

Молекулярно-генетичне тестування проводилося в лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН України. ДНК виділяли зі щетини з використанням набору *DIAtom™ DNA Prep 100 (Isogen, Російська Федерація, Москва)*. ДНК-типсування проводили з використанням технології полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) та поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів (ПДРФ). Структура праймерів для ПЛР, умови її проведення, відповідні ферменти рестрикції, ПЛР-ПДРФ паттерни та різні алелі для кожного локусу наведені в табл. 1.

Таблиця 1

Параметри ПЛР-ампліфікації, ПЛР-ПДРФ паттерни алелів генів

Ген	Структура праймерів для ПЛР	ПЛР*	ПЛР-ПДРФ паттерни різних алелів
<i>CTSL</i>	F: TCACTGCCGTGAAGAATCAG R: GCAGAGCTGTAATGGCAAGA	380/64/2,5	ПЛР-ПДРФ (<i>TaqI</i>): алель g.143C, 218 + 162 п. н.; алель g.143T, 380 п. н.
<i>MC4R</i>	F:TACCCTGACCATCTTGATTG R: ATAGCAACAGATGATCTCTTT	220/60/2,5	ПЛР-ПДРФ (<i>TaqI</i>): алель с.1426 A 220 п. н.; алель с.1426 G 150 + 70 п. н.

Примітка. *Розмір ПЛР продукту (п. н.)/температура відпалу (°C)/[*MgCl₂* (mM)]

Для проведення ПЛР-ПДРФ-аналізу використовувалися набори реагентів для ампліфікації фірми *Helicon* (Російська Федерація, Москва). Рестрикцію ДНК здійснювали з використанням ферментів фірми *Fermentas* (Литва, Вільнюс) згідно з інструкціями виробника.

Для рестрикційного аналізу використовували ендонуклеазу *TaqI* (*Fermentas*, Литва, Вільнюс). ПЛР-продукти та ДНК-фрагменти після рестрикції розділяли у 2% агарозному гелі. Забарвлення ДНК в гелі проводили у розчині етидію броміда (0,5 мкг/мл).

Для кожної популяції свиней було оцінено такі генетично-популяційні показники, як: частота генотипів та алелів, ефективна кількість алелів, фактична та очікувана гетерозиготність, індекс фіксації. Всю статистичну обробку було проведено за допомогою програмного забезпечення *GenAIEx* [8].

Виклад основного матеріалу дослідження. Ген *CTSL* у тварин усіх порід є поліморфним. Причому серед тварин порід українська м'ясна, дюрок, п'єстрен та велика біла виявлено носіїв всіх можливих генотипів, тоді як серед свиней породи ландрас не було виявлено особин з генотипом *CTSL^{TT}* (табл. 2).

До того ж виявлено певні особливості щодо розподілу частот генотипів цього гена і серед тварин досліджуваних порід. Так, серед свиней породи дюрок було виявлено найбільшу частку особин – носіїв генотипу *CTSL^{TT}*, частота якого була найвищою – 0,588. Натомість серед тварин, у яких цей генотип взагалі був виявлений, у свиней великої білої породи частота його була найнижчою – 0,250. Як наслідок, частота алеля *CTSL^T* найвищою була у свиней породи дюрок – 0,706, а найнижчою – у тварин породи ландрас – 0,067.

За результатами генотипування порід за геном *CTSL* виявлено дефіцит гетерозигот серед тварин порід дюрок, велика біла, п'єстрен та українська м'ясна, про що

Таблиця 2

Частота генотипів та алелів гена *CTSL* у свиней різних порід

Порода	Генотип			Алель	
	<i>CTSL^{CC}</i>	<i>CTSL^{CT}</i>	<i>CTSL^{TT}</i>	<i>CTSL^C</i>	<i>CTSL^T</i>
Українська м'ясна (<i>n</i> = 19)	0,211	0,421	0,368	0,421	0,579
Дюрок (<i>n</i> = 17)	0,177	0,235	0,588	0,294	0,706
Велика біла (<i>n</i> = 20)	0,350	0,400	0,250	0,550	0,450
Ландрас (<i>n</i> = 15)	0,867	0,133	0,000	0,933	0,067
П'єстрен (<i>n</i> = 10)	0,200	0,400	0,400	0,400	0,600

свідчать високі позитивні значення індексу фіксації (0,433, 0,192, 0,167 та 0,137 відповідно), тоді як для породи ландрас різниця між фактичною та очікуваною гетерозиготністю є несуттєвою (табл. 3).

Таблиця 3

Оцінка генетичного розмаїття тварин досліджуваних порід за геном *CTSL*

Показник	Порода					Загалом
	дюрок (<i>n</i> = 17)	велика біла (<i>n</i> = 20)	ландрас (<i>n</i> = 15)	п'єстрен (<i>n</i> = 10)	українська м'ясна (<i>n</i> = 19)	
Ефективна кількість алелів	1,710	1,980	1,142	1,923	1,953	1,611±0,247
Фактична гетерозиготність	0,235	0,400	0,133	0,400	0,421	0,256±0,078
Очікувана гетерозиготність	0,415	0,495	0,124	0,480	0,488	0,345±0,113
Індекс фіксації	0,433	0,192	-0,071	0,167	0,137	0,185±0,146

Катепсини (від грецького *kathersin* (переварити)) – родина протеаз, здебільшого внутрішньоклітинних. Більшість катепсинів проявляють активність всередині лізосом, руйнуючи захоплені клітиною молекули. Вони локалізовані в різних тканинах тварин. Значна їх кількість знаходиться в скелетній мускулатурі та бере участь у деградації білків під час «дозрівання м'яса» [7]. Катепсини поділяються на три підродини: цистеїнові (катепсини *B, C, H, F, L, K, O, S, V, X, W*), серинові (катепсини *A, G*), аспартатні (катепсини *D, E*).

Серед катепсинів, що впливають на м'ясні якості, найбільш активними у скелетній мускулатурі є катепсин В (*CTSB*), катепсин D (*CTSD*), катепсин H (*CTSH*) і катепсин L (*CTSL*), навіть з урахуванням того, що інші катепсини, такі як катепсин F (*CTSF*) і катепсин Z (*CTSZ*), є досить високо вираженими у скелетній мускулатурі.

Поліморфізм гена катепсина L, за даними італійських дослідників [5; 6; 7], впливає на товщину шпигу, вміст внутрішньом'язового жиру та на середньодобові прирости живої маси. Водночас чеські дослідники, проаналізувавши такі породи, як велика біла, ландрас, гемпшир, п'єстрен, дюрок, а також різноманітні міжпородні гібриди, не виявили його впливу на м'ясні якості свиней [9; 10].

Ген *MC4R* у тварин порід українська м'ясна, дюрок, п'єстрен та велика біла виявився поліморфним, тоді як для тварин породи ландрас йому властивий мономорфний стан – *MC4R^{GG}* (табл. 4). Водночас виявлено певні відмінності щодо частот

різних генотипів цього гена у тварин породи дюрок порівняно з іншими породами. Так, у них найбільш розповсюдженим був генотип $MC4R^{AA}$ (0,588), натомість у тварин української м'ясної та великої білої породи переважали носії гетерозиготного генотипу, частка яких становила 0,526 та 0,500 відповідно. Висока частка гетерозигот була відзначена і серед досліджених тварин породи п'єтрен – 0,400. Найвища частота алеля $MC4R^A$ була виявлена у тварин породи дюрок – 0,706.

Таблиця 4

Частота генотипів та алелів гену $MC4R$ у свиней різних порід

Порода	Генотип			Алель	
	$MC4R^{AA}$	$MC4R^{AG}$	$MC4R^{GG}$	$MC4R^A$	$MC4R^G$
Українська м'ясна ($n = 19$)	0,263	0,526	0,211	0,526	0,474
Дюрок ($n = 17$)	0,588	0,235	0,177	0,706	0,294
Велика біла ($n = 20$)	0,350	0,500	0,150	0,600	0,400
Ландрас ($n = 15$)	0,000	0,000	1,000	0,000	1,000
П'єтрен ($n = 10$)	0,300	0,400	0,300	0,500	0,500

Тварини порід п'єтрен та українська м'ясна характеризувалися більш високим генетичним різноманіттям за ефективною кількістю алелів гену $MC4R$, ніж представники інших порід (табл. 5). Для тварин породи дюрок характерне значне переважання очікуваної гетерозиготності над фактичною, що свідчить про дефіцит гетерозигот у популяції. Про це свідчить і високе значення індексу фіксації $F_{is} = 0,433$. Аналогічна ситуація відзначена і щодо генетичної структури вибірки свиней породи п'єтрен, у якій дефіцит гетерозигот становить 0,200.

Натомість у популяціях великої білої та української м'ясної порід практично не відзначено відхилення від стану генетичної рівноваги. Очевидно, це є результатом впливу тиску штучного відбору на популяцію, а саме проведення селекційно-племінної роботи у стаді. Статистично вірогідних відхилень розподілу частот генотипів обох досліджуваних генів від стану генетичної рівноваги Гарді-Вайнберга не встановлено.

Таблиця 5

Оцінка генетичного розмаїття тварин досліджуваних порід за геном $MC4R$

Показник	Порода					У цілому
	дюрок ($n = 17$)	велика біла ($n = 20$)	ландрас ($n = 15$)	п'єтрен ($n = 10$)	українська м'ясна ($n = 19$)	
Ефективна кількість алелів	1,710	1,923	1,000	2,000	1,992	1,554±0,279
Фактична гетерозиготність	0,235	0,500	0,000	0,400	0,526	0,245±0,144
Очікувана гетерозиготність	0,415	0,480	0,000	0,500	0,498	0,298±0,150
Індекс фіксації	0,433	-0,042	-	0,200	-0,056	0,196±0,194

Меланокортинові рецептори належать до родини рецепторів, пов'язаних із G-білками, і являють собою трансмембранні білки [11]. Сьогодні відомо п'ять типів рецепторів меланокортина – $MC1R$, $MC2R$, $MC3R$, $MC4R$, $MC5R$, які кодуються різними генами і виконують різні функції [11; 12].

Одним із головних генів, що визначає рівень розвитку ознак м'ясної продуктивності свиней, є ген рецептора меланокортина 4 (*MC4R*) [13; 14]. У цьому гені виявлена мутація, що зумовлює споживання свинями більшої кількості корму (до 10%), більш швидкий ріст (6–8%) і більшу масу свині (6–10%). Контроль цієї мутації може використовуватися у спрямованій селекції як на зниження, так і на збільшення вмісту жиру [14].

Ген *MC4R* експресується в різних ділянках ЦНС, зокрема в таламусі, гіпоталамусі, стовбурі та корі головного, а також ділянках спинного мозку. Експресія гена *MC4R* кодує другий тип нейрональних меланокортинових рецепторів-4, що являють собою трансмембранні рецептори, які мають 7 трансмембранних доменів, що пов'язані з G-білками і розташовані в ядрах гіпоталамуса. Експресія *MC4R* у цих структурах нервової системи свідчить про їх можливу участь у регуляції вегетативних і нейроендокринних функцій [15].

Функціональною особливістю *MC4*-рецептора є контроль маси тіла та регулювання харчової поведінки. Механізми цієї дії до кінця не вивчені, але на підставі наявних літературних даних можна зробити висновок, що деякі особливості цього процесу реалізуються під час взаємодії *MC4*-рецепторів із системою лептину [16; 17].

Нині вважається, що в результаті мутації в гені *MC4R* відбувається порушення проведення гормонального сигналу лептину. Жирова тканина відіграє активну роль у регуляції енергетичного гомеостазу організму, діючи як ендокринний орган. Зміни в цьому обміні вважаються важливими для пубертатного переходу до репродуктивної функції. Лептин збільшує секрецію гонадотропних гормонів, які необхідні для ініціації та підтримки нормальної репродуктивної функції [18; 19; 20; 21]. На підставі вище перелічених особливостей ген *MC4R* може впливати на репродуктивні якості свиней.

Хоча відомості про зв'язки між поліморфізмом *MC4R* і продуктивними показниками свиней мають неоднозначний характер, встановлено досить помітний його вплив на середньодобовий приріст, споживання корму, нарощування м'язів, вміст жиру в туші і довжину туші. У більшості досліджень, виконаних як на чистопородних тваринах і синтетичних лініях свиней, так і на двох-, трьох- і чотирихпородних кросах, мало місце таке співвідношення генотипів *MC4R* за швидкістю росту – *AA*>*GG*. За товщиною шпигу встановлена залежність *AA*>*GG* і *AG*>*GG*. У деяких дослідженнях виявлено зворотний зв'язок (*AA*<*GG*) або не виявлено будь-якої залежності між генотипами за *MC4R* і рівнем розвитку цієї ознаки. Таким чином, вплив генотипу за *MC4R* проявляється по-різному залежно від породної приналежності свиней [22; 23; 24; 25].

Висновки. Свині порід дюрорк, п'єтрен, велика біла, українська м'ясна та ландрас відрізняються між собою за частотами генотипів генів *MC4R* та *CTSL*. Так, лише у тварин породи ландрас для гена *MC4R* характерний мономорфний стан – *MC4R^{GG}*. Для свиней порід велика біла та дюрорк властивий високий рівень інбредованості. Так, популяція тварин породи дюрорк має дефіцит гетерозигот за обома дослідженими генами (індекс фіксації в обох випадках – 0,433), а популяція великої білої породи має позитивне значення індексу фіксації за геном *CTSL*.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Рибалко В.П., Мельник Ю.Ф., Нагаєвич В.М., Герасимов В.І. *Породи свиней в Україні*. Харків : Еспада, 2001. 128 с.
2. Лихач В.Я., Лихач А.В. *Технологічні інновації у свинарстві* : монографія. К. : ФОП Ямчинський О.В., 2020. 291 с.

3. Kim K.S., Larsen N.K., Rothschild M.F. Rapid communication: linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene. *Journal of Animal Science*. 2000. V. 78(3). P. 791–792.
4. Луговой С.И., Крамаренко С.С., Лихач В.Я. Особенности формирования генетической структуры по генам *ESR1* и *IGF2* у чистопородных и помесных свиней. *Ученые записки УО «Витебская ордена «Знака почета» государственная академия ветеринарной медицины*. 2017. Т. 53. Вип. 1. С. 238–241.
5. Fontanesi L., Speroni C., Buttazzoni L., Scotti E., Dall’Olio S., Davoli R., Russo V. Association between polymorphisms in cathepsin and cystatin genes with meat production and carcass traits in Italian Duroc pigs: confirmation of the effects of a cathepsin L (*CTSL*) gene marker. *Molecular Biology Reports*. 2012. № 39. P. 109–113.
6. Fontanesi L., Speroni C., Buttazzoni L., Scotti E., Costa L. N., Davoli R., Russo V. Association between cathepsin L (*CTSL*) and cathepsin S (*CTSS*) polymorphisms and meat production and carcass traits in Italian Large White pigs. *Meat Science*. 2010. № 85. P. 331–338.
7. Russo V., Fontanesi L., Scotti E., Beretti F., Davoli R., Nanni Costa L. et al. Single nucleotide polymorphisms in several porcine cathepsin genes are associated with growth, carcass, and production traits in Italian Large White pigs. *Journal of Animal Science*. 2008. V. 86(12). P. 3300–3314.
8. Peakall R.O. D., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*. 2006. V. 6(1). P. 288–295.
9. Dvořáková V., Stupka R., Šprysl M., Čítek J., Okrouhlá M., Kluzáková E., Brzobohatý L. The effect of gene *CTSL* on the quantitative and qualitative production traits of pork meat. *Maso International BRNO*. 2011. V. 1. P. 47–50.
10. Dvořáková V., Stupka R., Šprysl M., Čítek J., Okrouhlá M., Kluzáková E., Brzobohatý L. The effect of missense mutation G.143C>T in the *CTSL* gene on production traits without the effect on quality of pork meat. *Research In Pig Breeding*. 2011. V. 5. P. 18–21.
11. Лядский И.К., Гетья А.А., Почерняев К.Ф. Связь Asp298Asn полиморфизма гена *MC4R* с толщиной спинного сала у свиней крупной белой породы. *Цитология и генетика*. 2011. № 2. С. 52–56.
12. Панков Ю.А. Лептин – новый гормон в эндокринологии. *Успехи физиологических наук*. 2003. № 2. С. 3–20.
13. Гетья А.А., Березовский Н.Д., Почерняев К.Ф., Лядский И.К. Оценка Asp298Asn полиморфизма гена *MC4R* у свиней крупной белой породы. *Таврійський науковий вісник*. 2008. Вип. 58(2). С. 45–49.
14. Ширкова Н.В., Радюк А.В., Алиев Р.Г. Оценка влияния гена *MC4R* на откормочные и мясные качества свиней породы ландрас. *Современные проблемы науки и образования*. 2014. № 5. <http://www.science-education.ru/ru/article/view?id=14654>.
15. Hernández-Sánchez J., Visscher P., Plastow G., Haley C. Candidate gene analysis for quantitative traits using the transmission disequilibrium test : the exam of the Melanocortin 4-Receptor in pigs. *Genetics*. 2003. № 164. P. 637–644.
16. Михайлов Н.В., Гетманцева Л.В., Святогоров Н.А., Бублик Е.М. Перспективные гены-маркеры продуктивности свиней. *Вестник Донского государственного аграрного университета*. 2013. № 3(9). С. 16-19.
17. Barb C. R., Robertson A. S., Barrett J. B., Kraeling R. R., Houseknecht K. L. The role of melanocortin-3 and -4 receptor in regulating appetite, energy homeostasis and neuroendocrine function in the pig. *Journal of Endocrinology*. 2004. V. 181(1). P. 39–52.
18. Леонова М.А., Святогорова А.Е. Воспроизводительные качества свиней породы ландрас разных генотипов по генам *PRLR* и *MC4R*. *Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета*. 2014. № 103. С. 1006–1015.

19. Meidtner K., Wermter A. K., Hinney A., Remschmidt H., Hebebrand J., Fries R. Association of the melanocortin 4 receptor with feed intake and daily gain in F2 Mangalitsa × Pietrain pigs. *Animal Genetics*. 2006. V. 37 (3). P. 245–247.
20. Fan B., Onteru S.K., Plastow G.S., Rothschild M.F. Detailed characterization of the porcine *MC4R* gene in relation to fatness and growth. *Animal Genetics*. 2009. V. 40. P. 401–409.
21. Salajpal K., Đikić M., Karoly D., Šurina J., Mataković M., Liker B. Effect of *MC4R* polymorphism on physiological stress response in pigs. *Agriculture Scientific and Professional Review*. 2007. V. 13(1). P. 46–50.
22. Chen M., Wang A., Fu J., Li N. Different allele frequencies of *MC4R* gene variants in Chinese pig breeds. *Archiv fuer Tierzucht Dummerstorf*. 2004. V. 47 (5). P. 463–468.
23. Bruun C.S., Jørgensen C.B., Nielsen V.H., Andersson L., Fredholm M. Evaluation of the porcine melanocortin 4 receptor (*MC4R*) gene as a positional candidate for a fatness QTL in a cross between Landrace and Hampshire. *Animal Genetics*. 2006. V. 37(4). P. 359–362.
24. Houston R.D., Cameron N.D., Rance K.A. A melanocortin-4 receptor (*MC4R*) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected large white pig populations. *Animal Genetics*. 2004. V. 35(5). P. 386–390.
25. Park H.B., Carlborg Ö., Marklund S., Andersson L. Melanocortin 4 receptor (*MC4R*) genotypes have no major effect on fatness in a Large White x Wild Boar intercross. *Animal Genetics*. 2002. V. 33(2). P. 155–157.

УДК 911.3:338.43(477)

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2021.118.33>

ПЕРСПЕКТИВНА ТЕХНОЛОГІЯ СПРЯМОВАНОГО ВИРОЩУВАННЯ МОЛОДНЯКУ В МОЛОЧНОМУ СКОТАРСТВІ

Панкєв С.П. – к.с.-г.н., доцент,

доцент кафедри технології виробництва продукції тваринництва,
Херсонський державний аграрно-економічний університет

Пилипенко Ю.П. – здобувач вищої освіти другого (магістерського) рівня
біолого-технічного факультету,
Херсонський державний аграрно-економічний університет

У статті проаналізовано доцільність використання перспективної технології спрямованого вирощування ремонтного молодняку в галузі молочного скотарства у господарствах різних форм власності згідно технологічних параметрів росту, розвитку, рівня годівлі, якісного зоотехнічного і племінного обліку, якісного бонітування корів і формування молочного гурту, підготовки нетелей до отелення та роздоювання первісток і авансованої годівлі.

Рекомендована технологія спрямованого вирощування ремонтних телиць включає технологічну схему вирощування нетелей, чіткий план росту і розвитку молодняку в різні вікові періоди, норми годівлі тварин, схему вигоювання телиць до шестимісячного віку, раціони годівлі ремонтного молодняку, розрахунки показників ремонту гурту і середньорічного поголів'я, рекомендації щодо забезпечення необхідних умов для інтенсивного вирощування високопродуктивних молочних корів.
