
ТВАРИННИЦТВО, КОРМОВИРОБНИЦТВО, ЗБЕРЕЖЕННЯ ТА ПЕРЕРОБКА СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКОЇ ПРОДУКЦІЇ

ANIMAL HUSBANDRY, FEED PRODUCTION,
STORAGE AND PROCESSING OF AGRICULTURAL PRODUCTS

УДК 575.113:636.2.034.082(477)
DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2022.126.16>

ПАРАМЕТРИ МОЛОЧНОЇ ПРОДУКТИВНОСТІ КОРІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ З РІЗНИМИ ГЕНОТИПАМИ ЗА ЛОКУСАМИ *TLR1* ТА *CSN2*

Іващенко О.Ю. – аспірант кафедри біології тварин,
Національний університет біоресурсів і природокористування України
Кулібаба Р.О. – д.с.-г.н., с.н.с.,
професор кафедри біології тварин,
Національний університет біоресурсів і природокористування України

Проведено аналіз параметрів продуктивності корів української чорно-рябої молочної породи з різними генотипами за локусами толл-подібного рецептора (*TLR1*) та β -казеїну (*CSN2*). Генотипування особин ВРХ проводили за використання методу PCR-RFLP для локусу *TLR1* і AS-PCR для *CSN2*. В якості дослідних параметрів молочної продуктивності тварин використовували показники вмісту білка в молоці (%), значення середнього надою за 305 днів лактації (кг) та жирномолочність (%). Аналіз продуктивних якостей здійснювали за рахунок порівняння параметрів трьох лактацій для досліджуваної групи тварин. За результатами досліджень встановлено, що у випадку з *TLR1* для першої лактації домінуючі значення показнику надою характерні для гетерозиготних особин, мінімальні – для особин з гомозиготним генотипом за алелем А. За локусом *TLR1* для третьої лактації найвищі значення надою властиві гомозиготним особинам за алелем А, найнижчі – для гомозигот з генотипом GG. Для дослідної популяції корів вірогідних відмінностей за показниками молочної продуктивності не виявлено. За аналізом продуктивних якостей особин з різними генотипами за локусом *CSN2* максимальні значення показнику надою за три лактації виявились характерними для тварин з генотипом A¹A¹. Проте вірогідної різниці між значеннями надою в корів з різними генотипами не встановлено. На відміну від локусу *TLR1*, вираженої тенденції до переважання показнику надою для окремого генотипу не виявлено, що свідчить про відсутність асоціативного зв'язку за встановленими алельними варіантами бета-казеїну з показниками молочної продуктивності у дослідній популяції корів. За параметрами вмісту молочного білка та жиру для трьох лактацій вірогідних відмінностей між групами особин з різними генотипами за двома досліджуваними локусами (*TLR1*, *CSN2*) не виявлено.

Ключові слова: поліморфізм, корови, популяція, алель, генотип, мінливість, продуктивність.

Ivashchenko O. Yu., Kulibaba R. O. Milk productivity parameters of Ukrainian Black-and-White dairy breed cows with different genotypes by TLR1 and CSN2 loci

The analysis of milk productivity parameters of Ukrainian Black-and-White dairy breed cows with different genotypes by TLR1 (toll-like receptor 1 gene) and CSN2 (β -casein gene) loci was conducted. Genotyping of cows was carried out using PCR-RFLP method for the TLR1 locus and AS-PCR for CSN2. The values of protein content in milk, average milk yield for 305 days of lactation and milk fat were used as experimental indicators of productivity. The analysis of production traits was conducted by comparing the parameters of three lactations for each group of animals. By TLR1 polymorphism for the first lactation the dominant values of the milk yield are specific for heterozygous individuals AG, the minimum values – for animals with a homozygous genotype AA. For the third lactation, the highest values of milk yield are characteristic for homozygous individuals AA, the lowest – for homozygotes with GG genotype. There were no significant differences for milk productivity traits for Ukrainian Black-and-White dairy cattle. In the cause of CSN2 polymorphism the maximum values of milk yield for three lactations were characterized for animals with the A¹A¹ genotype. There were no significant differences by milk productivity traits for cows with different CSN2 genotypes. In contrast to the TLR1 locus, the expressed tendency to increase milk yield parameter for different genotypes by CSN2 locus was not found, which indicates the absence of an association between the studied allelic variants of beta-casein gene and productive traits in the experimental cattle population. There were no significant differences between groups of animals with different genotypes by TLR1 and CSN2 loci for the parameters of milk protein and fat content.

Key words: polymorphism, cattle, population, allele, genotype, variability, productivity.

Постановка проблеми. Маркер-асоційована селекція (Marker Assisted Selection) – один з найпотужніших інструментів загальної селекційної роботи у тваринництві. У цьому контексті, значним внеском в інтенсифікацію селекційного процесу є дослідження параметрів мінливості популяцій племінних тварин безпосередньо на рівні ДНК, що дозволяє ідентифікувати гени, які прямо або опосередковано пов'язані з проявом господарсько-корисних ознак. З огляду на це, розвиток тваринництва потребує застосування нових методів та підходів, які ґрунтуються на аналізі спадкової інформації на рівні генів (виявленні алельних варіантів) та груп зчеплення, що, у свою чергу, служить запорукою ефективності проведення відповідної селекційної роботи.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Використання ДНК-маркерів дає можливість вирішити, як правило, одразу декілька завдань. До першого відноситься проблема визначення генетичної структури популяцій тварин різних порід, а до другого – аналіз продуктивних якостей тварин з різними генотипами за низкою досліджуваних локусів [1; 2]. Поряд з цим, значний інтерес також викликають об'єкти (гени), функціонування яких пов'язане не тільки з параметрами продуктивності, але й з адаптаційними якостями тварин.

Ген *TLR1* великої рогатої худоби кодує Toll-подібні рецептори, які є одними з ключових компонентів вродженої імунної системи [3; 4]. Ген *TLR1* розташований у шостій хромосомі ВРХ (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/574090>) та має спільне походження з генами *TLR6* і *TLR10*, розташованими у тандемі, що утворюють кластер *TLR6-TLR1-TLR10* у щільній області QTL для ряду ознак молочної продуктивності та чутливістю/резистентністю до маститів [5–7].

У генетиці великої рогатої худоби *TLR1* розглядають в якості гена-кандидата стійкості до таких інфекційних захворювань як туберкульоз, паратуберкульоз та бруцельоз [8–10]. Проте, у деяких публікаціях виявлено асоціативний зв'язок алельних варіантів *TLR1* з показниками чутливості до маститу та вмістом соматичних клітин у молоці корів, встановлено кореляцію з підвищеним вмістом молочного жиру та білка [11].

До одного з основних білків молока відносять β -казеїн, який у загальній частці казеїнових білків займає майже 45 % [12; 13]. Найпоширенішими генетичними

варіантами (з точки зору практичної генетики) *CSN2* (ген бета-казеїну) є алелі A^1 і A^2 [14; 15]. Мутація, що викликає відмінності в білку β -казеїну, є результатом однонуклеотидного поліморфізму в кодоні 67 7-го екзону гена (A^1 – гістидин; A^2 – пролін) [12]. За результатами проведених досліджень показано, що різні алельні варіанти *CSN2* асоційовані з показниками надою та вмістом молочного білка у деяких породах ВРХ [16–19].

Раніше нами проведено роботу з визначення особливостей генетичної структури дослідних порід корів української селекції за локусами *TLR1* та *CSN2* [20]. Тому, у цьому дослідженні, ми сфокусувалися на вирішенні другого етапу загального завдання – визначенні параметрів молочної продуктивності корів за виявленими поліморфними локусами у популяції корів української чорно-рябої молочної породи.

Матеріали та методи досліджень. Дослідження проведені у лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН та в лабораторії молекулярно-генетичних досліджень кафедри біології тварин Національного університету біоресурсів і природокористування України.

Як об'єкт досліджень використовували популяцію корів української чорно-рябої молочної породи (ДПДГ «Гонтарівка», Харківська область, Вовчанський район).

Виділення ДНК проводили з використанням комерційного набору реагентів «ДНК-сорб-В» («АмпліСенс»). В якості джерела біологічного матеріалу використовували волоссяні цибулини.

Генотипування особин ВРХ проводили за використання методу PCR-RFLP для локусу *TLR1* і AS-PCR для *CSN2*. Методичні підходи до генотипування особин ВРХ за *TLR1* та *CSN2* раніше нами описано у відповідних джерелах [20, Kulibaba R.O. et al., in press].

В якості дослідних параметрів молочної продуктивності тварин використовували показники вмісту білка в молоці (%), значення середнього надою за 305 днів лактації (кг) та жирномолочність (%). Аналіз продуктивних якостей проводили за порівняння параметрів перших трьох лактацій для кожного локусу. Аналіз продуктивних параметрів тварин з різними генотипами за локусами *TLR1* та *CSN2* проводили з використанням однофакторного дисперсійного аналізу (ANOVA) і критерію множинних порівнянь Тьюкі-Крамера як інструменту для post-hoc тестування. Розрахунки проведено у Microsoft Excel за допомогою Real Statistics Resource Pack (<http://www.real-statistics.com/free-download/real-statistics-resource-pack/>). Перевірку розподілу на нормальність проводили за критерієм Шапіро-Уїлка. У разі відмінності від нормального вірогідного розподілу, використовували непараметричний U-критерій Манна-Уїтні.

Результати досліджень. На результати досліджень з визначення параметрів продуктивності корів з різними генотипами за певними локусами, у першу чергу, впливають особливості розподілу генотипів у дослідних популяціях. В оптимальному випадку в групах тварин представлені особини зі всіма можливими варіантами генотипів, але у подібній ситуації можуть мати велике значення саме відносні частоти (тобто співвідношення) генотипів, що, у свою чергу, буде відображено в результатах фінального статистичного аналізу.

За локусом *TLR1* (1596G>A) проаналізовано показники продуктивності корів зі всіма можливими генотипами – AA, AG та GG. Кількість особин з окремими генотипами є достатньою (мінімальна кількість тварин у групі складає 4) для проведення статистичних розрахунків.

Для кожної з дослідних груп (різні генотипи) популяції корів української чорно-рябої молочної породи встановлені значення параметрів продуктивності (табл. 1).

Таблиця 1
Показники молочної продуктивності корів української чорно-рябої породи з різними генотипами за локусом *TLR1*

Показник	Генотип		
	AA	AG	GG
Перша лактація			
Надій, 305 днів, кг	5582,5±304,47 ^a	5831,1±190,48 ^a	5769,0±488,39 ^a
C_v , %	10,91	9,24	16,93
Жир, 305 днів, %	3,84±0,055 ^a	3,79±0,033 ^a	3,82±0,041 ^a
C_v , %	2,86	2,48	2,17
Білок, 305 днів, %	3,42±0,019 ^a	3,42±0,02 ^a	3,43±0,031 ^a
C_v , %	1,11	1,75	1,81
Друга лактація			
Надій, 305 днів, кг	6755,8±502,04 ^a	6779,4±174,07 ^a	6756,5±485,57 ^a
C_v , %	14,86	7,26	14,37
Жир, 305 днів, %	3,73±0,068 ^a	3,64±0,037 ^a	3,70±0,056 ^a
C_v , %	3,67	2,86	3,03
Білок, 305 днів, %	3,31±0,043 ^a	3,34±0,020 ^a	3,36±0,013 ^a
C_v , %	2,59	1,71	0,80
Третя лактація			
Надій, 305 днів, кг	8130,3±359,47 ^a	7766,9±291,78 ^a	7141,3±402,37 ^a
C_v , %	8,84	10,63	11,27
Жир, 305 днів, %	3,65±0,067 ^a	3,60±0,035 ^a	3,69±0,048 ^a
C_v , %	3,67	2,75	2,61
Білок, 305 днів, %	3,27±0,032 ^a	3,30±0,026 ^a	3,31±0,022 ^a
C_v , %	1,96	2,27	1,33

Примітка: різні індекси (^a, ^b) вказують на вірогідність різниці ($p < 0,05$) у межах показника.

За результатами досліджень з'ясовано, що для першої лактації максимальні значення показнику надою притаманні для гетерозиготних особин, найнижчі – для гомозигот за алелем А. У свою чергу, на третю лактацію ситуація дещо змінюється – найбільші значення надою є характерними для гомозиготних за алелем А особин, найнижчі – для гомозигот GG. Але, незважаючи на тенденцію, що спостерігається, вірогідної відмінності між значеннями показників не виявлено (табл.). У свою чергу, за показником надою за 305 днів, значення коефіцієнту варіації знаходилось, переважно, у межах середнього рівня мінливості показнику (перевищувало межу у 10 %).

Слід зазначити, що за результатами аналізу даних таблиці 1 різниця між показником стандартного надою для особин з генотипами AA та GG досягає майже однієї тонни за третю лактацію (8130,3 та 7141,3 кг відповідно), що робить цей локус потенційно дуже привабливим для проведення подальших досліджень

з урахуванням більшої кількості проаналізованих тварин із загального масиву. Більша кількість піддослідних тварин у вибірці призведе до зниження значення стандартної помилки та, в решті решт, може значним чином змінити інтерпретацію результатів. Слід зазначити, що кількість особин у вибірці була значно обмежена необхідністю використовувати лише особин перших трьох лактацій, що певним чином знизило загальну кількість тварин по групах, у порівнянні з однією чи двома лактаціями.

За показниками вмісту молочного жиру та білка суттєвої різниці між групами корів з різними генотипами за локусом *TLRI* не виявлено. За дослідженими параметрами вмісту молочного жиру та білка згідно значення коефіцієнту варіації дослідні групи тварин характеризуються низьким рівнем мінливості (значення S_v у кожному випадку не перевищує 10 %).

Результати досліджень з аналізу показників продуктивності особин з різними генотипами за локусом *CSN2* наведено у таблиці 2.

Таблиця 2

Показники молочної продуктивності корів української чорно-рябої породи з різними генотипами за локусом *CSN2*

Показник	Генотип		
	A ¹ A ¹	A ¹ A ²	A ² A ²
Перша лактація			
Надій, 305 днів, кг	6077,6±343,99 ^a	5596,7±140,39 ^a	5617,7±566,31 ^a
S_v , %	12,66	7,09	17,46
Жир, 305 днів, %	3,82±0,039 ^a	3,79±0,036 ^a	3,85±0,039 ^a
S_v , %	2,33	2,69	1,71
Білок, 305 днів, %	3,40±0,025 ^a	3,45±0,018 ^a	3,40±0,019 ^a
S_v , %	1,65	1,51	0,94
Друга лактація			
Надій, 305 днів, кг	7268,0±339,20 ^a	6332,9±193,17 ^a	7093,7±114,86 ^a
S_v , %	10,44	8,63	2,80
Жир, 305 днів, %	3,67±0,050 ^a	3,69±0,044 ^a	3,67±0,079 ^a
S_v , %	3,02	3,33	3,73
Білок, 305 днів, %	3,33±0,029 ^a	3,34±0,023 ^a	3,33±0,024 ^a
S_v , %	1,92	1,98	1,26
Третя лактація			
Надій, 305 днів, кг	8181,8±341,71 ^a	7257,6±229,55 ^a	8083,7±552,53 ^a
S_v , %	9,34	8,94	11,84
Жир, 305 днів, %	3,61±0,041 ^a	3,63±0,040 ^a	3,67±0,084 ^a
S_v , %	2,52	3,14	3,95
Білок, 305 днів, %	3,25±0,024 ^a	3,31±0,025 ^a	3,32±0,08 ^a
S_v , %	1,63	2,12	1,14

Упродовж всіх трьох лактацій найвищі значення показнику надою є характерними для особин з генотипом A¹A¹. Причому, максимально виражені відмінності спостерігались за досліджуваними показниками у гетерозиготних особин. Між особинами з гомозиготними генотипами різниця більш згладжена. Суттєвої вірогідної різниці між значеннями надою у тварин з різними генотипами не

встановлено. Слід зазначити, що у протестованій групі корів української чорно-рябої молочної породи кількість особин з гомозиготним за алелем A^2 генотипом була мінімальною для проведення статистичних досліджень ($n=3$, для проаналізованих за параметрами трьох лактацій тварин), що, у будь-якому випадку, відобразилось на результатах досліджень. Але, на відміну від локусу *TLRI* (табл. 1), вираженої тенденції до превалювання показнику надою для окремого генотипу не виявлено, що додатково свідчить про відсутність асоціації за встановленими алельними варіантами бета-казеїну з показниками продуктивності у проаналізованій популяції корів. Різниця між особинами з різними генотипами бета-казеїну, у даному випадку, обмежується якісним складом кодованого білка. Але це спостереження може характеризувати тільки конкретну популяцію корів, внаслідок потенційного впливу на експресивність ознаки генного оточення та особливостей генетико-популяційних параметрів породи тварин, що й призводить до необхідності проведення подальших досліджень за аналізу інших популяцій та порід корів.

За показниками вмісту молочного білка та жиру для трьох лактацій вірогідних відмінностей між групами особин з різними генотипами за *CSN2* не виявлено.

Результати досліджень підтверджують дані, отримані іншими дослідниками на коровах симентальської та української бурої молочної породи, про те, що тварини з генотипом A^2A^2 не поступаються за показниками продуктивності тваринам інших генотипів [21; 22].

Висновки

1. За результатами проведених досліджень встановлено, що для корів української чорно-рябої молочної породи за показником надою за 305 днів лактації за локусом *TLRI* максимальними значеннями показнику за першу лактацію характеризуються особини з гетерозиготним генотипом AG, в той час як для третьої лактації найвищі значення надою характерні для особин, гомозиготних за алелем A, мінімальні – для гомозигот GG. Вірогідних відмінностей за показниками молочної продуктивності між особинами з різними генотипами за локусом *TLRI* ($1596G>A$) не виявлено.

2. За локусом бета-казеїна (*CSN2*) за результатами проведених досліджень для особин з різними генотипами (A^1A^1 , A^1A^2 та A^2A^2) встановлено відсутність вірогідних відмінностей за кожним з проаналізованих показників (надій, жир, білок) упродовж всіх трьох лактацій.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Daetwyler H., Schenkel F., Sargolzaei M. A genome scan to detect quantitative trait loci for economically important traits in Holstein cattle using two methods and a dense single nucleotide polymorphism map. *Dairy Science*. 2008. Vol. 91. № 8. P. 3225–3236.
2. Miluchová M., Gábor M., Candrák J., Trakovická A., Candráková K. Association of HindIII-polymorphism in kappa-casein gene with milk, fat and protein yield in holstein cattle. *Acta Biochimica Polonica*. 2018. Vol. 65. № 3. P. 403–407. doi: https://doi.org/10.18388/abp.2017_2313
3. Zhou H., Gu J., Lamont S.J., Gu X. Evolutionary analysis for functional divergence of the toll-like receptor gene family and altered functional constraints. *Journal of Molecular Evolution*. 2007. Vol. 65. № 2. P. 119–123. doi: 10.1007/s00239-005-0008-4
4. Takeuchi O., Sato S., Horiuchi T., Hoshino K., Takeda K., Dong Z., Modlin R.L., Akira S. Cutting edge: role of Toll-like receptor 1 in mediating immune response to microbial lipoproteins. *Journal of Immunology*. 2002. Vol. 169. № 1. P. 10–14. doi: 10.4049/jimmunol.169.1.10

5. Opsal M.A., Vage D.I., Hayes B., Berget I., Lien S. Genomic organization and transcript profiling of the bovine toll-like receptor gene cluster TLR6-TLR1-TLR10. *Gene*. 2006. Vol. 384. P. 45–50. doi: 10.1016/j.gene.2006.06.02.
6. Ogorevc J., Kunej T., Razpet A., Dovc P. Database of cattle candidate genes and genetic markers for milk production and mastitis. *Animal Genetic*. 2009. Vol. 40. № 6. P. 832–851. doi: 10.1111/j.1365-2052.2009.01921.x
7. Klungland H., Sabry A., Heringstad B., Olsen H.G., Gomez-Raya L., Vage D.I., Olsaker I., Odegard J., Klemetsdal G., Schulman N., Vilkki J., Ruane J., Aasland M., Rønningen K., Lien S. Quantitative trait loci affecting clinical mastitis and somatic cell count in dairy cattle. *Mammalian Genome*. 2001. Vol. 12. P. 837–842.
8. Sun L., Song Y., Riaz H., Yang H., Hua G., Guo A., Yang L. Polymorphisms in toll-like receptor 1 and 9 genes and their association with tuberculosis susceptibility in Chinese Holstein cattle. *Veterinary Immunology and Immunopathology*. 2012. Vol. 147. № 3–4. P. 195–201. doi:10.1016/j.vetimm.2012.04.016
9. Cinar M.U., Hizlisoy H., Akyüz B., Arslan K., Aksel E.G., Gümüşsoy K.S. Polymorphisms in toll-like receptor (TLR) 1, 4, 9 and *SLC11A1* genes and their association with paratuberculosis susceptibility in Holstein and indigenous crossbred cattle in Turkey. *Journal of Genetics*. 2018. Vol. 97. № 5. P. 1147–1154. doi:10.1007/s12041-018-1008-7
10. Novák K., Bjelka M., Samake K., Valčíková T. Potential of TLR-gene diversity in Czech indigenous cattle for resistance breeding as revealed by hybrid sequencing. *Archives Animal Breeding*. 2019. Vol. 62. P. 477–490. doi.org/10.5194/aab-62-477-2019.
11. Russell C.D., Widdison S., Leigh J.A., Coffey T.J. Identification of single nucleotide polymorphisms in the bovine Toll-like receptor 1 gene and association with health traits in cattle. *Veterinary Research*. 2012. Vol. 43. № 1. P. 17. doi: 10.1186/1297-9716-43-17.
12. Casein Nomenclature, Structure, and Association. In *Encyclopedia of Dairy Sciences* / H.M. Farrel et al. London: Academic Press, 2003.
13. Truswell A.S. The A2 milk case: A critical review. *European Journal of Clinical Nutrition*. 2005. Vol. 59. P. 623.
14. Farrell H.M., Jimenez-Flores R., Bleck G.T., Brown E.M., Butler J.E., Creamer L.K., Swaisgood H.E. Nomenclature of the proteins of cows' milk – Sixth revision. *Journal of Dairy Science*. 2004. Vol. 87. P. 1641–1674.
15. Kamiński S., Cieślinska A., Kostyra E. Polymorphism of bovine beta-casein and its potential effect on human health. *Journal of Applied Genetics*. 2007. Vol. 48. P. 189–198.
16. Oleński K., Cieślinska A., Suchocki T., Szyda J., Kamiński S. Polymorphism in coding and regulatory sequences of beta-casein gene is associated with milk production traits in Holstein-Friesian. *Animal Science Papers and Reports*. 2012. Vol. 30. № 1. P. 5–12.
17. Kovalyuk N.V., Shakhnazarova Yu.Yu., Yunitskaya V.V. Influence of CSN2 genotype on dairy productivity of cows. *Collection of scientific papers of the Krasnodar Scientific Center for Animal Science and Veterinary Medicine*. 2019. Vol. 8. № 3. P. 4–7. DOI: 10.34617/kg1a-ez25
18. Glinskaya N., Silchenko E., Nikolaeva V., Prilovskaya E. Polymorphism of beta-casein gene (CSN2) and analysis of biochemical state of bovine cattle of Belarusian black-and-potted breeds. *Вестник Полесского государственного университета. Серия природоведческих наук*. 2021. № 1. P. 72–77.
19. Čítek J., Brzákova M., Hanusová L., Hanuš O., Večerek L., Samková E., Křížová Z., Hoštičková I., Kávodová T., Straková K., Hasoňová L. Gene polymorphisms influencing yield, composition and technological properties of milk from Czech Simmental and Holstein cows. *Animal Bioscience*. 2021. Vol. 34. № 1. P. 2–11. doi: 10.5713/ajas.19.0520

20. Kulibaba R., Liashenko Yu., Ivashchenko O. Polymorphism of TLR1, TLR4, and SLC11A1 genes in populations of different cattle breeds of Ukrainian selection. *Agricultural Science and Practice*. 2021. Vol. 8. № 3. P. 25–34.

21. Ладика В.І., Павленко Ю.М., Древицька Т.І., Досенко В.Є., Скляренко Ю.І., Баргєнева Л.С. Дослідження поліморфізму гену бета-казеїну та його зв'язок з складом молока у корів симентальської породи. *Розведення і генетика тварин*. 2021. Vol. 62. P. 106–113. doi: <https://doi.org/10.31073/abg.62.14>

22. Ладика В.І., Скляренко Ю.І., Павленко Ю.М., Малікова А.І. Порівняльна оцінка молочної продуктивності корів української бурої молочної породи різних генотипів за β -казеїном. *Вісник Сумського національного аграрного університету*. 2020. Vol. 3. № 42. P. 3–7.

УДК 636.2.0.82.0.84.085.2.11.

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2022.126.17>

ВПЛИВ РІЗНИХ РЕЦЕПТІВ РАЦІОНІВ НА ПРОДУКТИВНІСТЬ МОЛОДНЯКУ М'ЯСНОГО КОМОЛОГО СИМЕНТАЛУ ЖУЙНИХ У ЗОНІ КАРПАТСЬКОГО РЕГІОНУ БУКОВИНИ

Калинка А.К. – к.с.-г.н., с.н.с.,

завідувач відділу селекції, розведення, годівлі та технології виробництва продукції тваринництва,

Буковинська державна сільськогосподарська дослідна станція Інституту сільського господарства Карпатського регіону Національної академії аграрних наук України

Лесик О.Б. – к.с.-г.н., с.н.с.,

заступник директора з наукової роботи,

Буковинська державна сільськогосподарська дослідна станція Інституту сільського господарства Карпатського регіону Національної академії аграрних наук України

Приліпко Т.М. – д.с.-г.н., професор,

завідувач кафедри харчових технологій виробництва й стандартизації харчової продукції,

Подільський державний аграрно – технічний університет

Корх І.В. – к.с.-г.н., с.н.с.,

Інститут Тваринництва Національної академії аграрних наук України

У пропонованій статті висвітлено вплив різних рецептів раціонів на продуктивність молодняку нової популяції м'ясного комолого сименталу худоби для отримання дешевої та якісної яловичини в базових та дочірніх господарствах суспільного сектору різних форм власності зони Карпат.

За результатами проведених досліджень, встановлено, що при різній обмінній енергії в рецептах раціонів в зимовому стійловому періоді і при виході на літні зелені корми, протягом 171 дня 1-го пасовищного періоду, добові прирости молодняку II дослідної групи склали 900 г і відповідно 877–883 г в контролі і в I дослідній з майже однаковими витратами корму у всіх групах.

Дослідженнями визначено, що при збільшенні в раціонах на 15–20% обмінної енергії сінажем замість еквівалентної кількості концентрованих кормів в I-му зимовому