

УДК 636.4.082.12

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2022.126.23>

ВПЛИВ ГЕНОТИПУ ЗА ГЕНАМИ *CTSF* ТА *MC4R* НА ВІДГОДІВЕЛЬНІ ТА М'ЯСНІ ОЗНАКИ СВИНЕЙ

Лихач В.Я. – д.с.-г.н., професор,

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

Лихач А.В. – д.с.-г.н., професор,

професор кафедри біології тварин,

Національний університет біоресурсів і природокористування України

Фаустов Р.В. – аспірант кафедри технології виробництва

продукції тваринництва,

Миколаївський національний аграрний університет

Важливими факторами підвищення продуктивності тварин є використання молекулярно-генетичних методів виявлення тварин з «бажаними» генотипами за ДНК-маркерами показників продуктивності. Однією із важливих задач селекційної роботи у свинарстві є розробка критеріїв прогнозування генетичної цінності особин за основними господарсько-корисними ознаками. У свинарстві активно застосовують технології маркер-асоційованої селекції (MAS, marker-assisted selection), що передбачає генотипування особин за локусами, котрі контролюють господарські ознаки, і використання отриманої молекулярної інформації для оцінки генотипів, добору і підбору тварин.

Основною метою роботи було встановлення асоціації генотипів свиней за генами *CTSF* та *MC4R* з їх відгодівельними і м'ясними ознаками. Дослідження проведено на підставі генотипування основного стада чистопородних свиней порід велика біла (ВБ), ландрас (Л) та синтетичних ліній "Maxter" і "Maxgroo" за генами *CTSF* та *MC4R*. Виявлені особливості генетичної структури досліджених порід і ліній свиней стали підставою для подальшого з'ясування ступеня асоціації генотипів молодняку за генами *MC4R* та *CTSF* з відгодівельними й м'ясними якістьями в умовах ТОВ «Таврійські свині» (м. Скадовськ, Херсонська область, Україна). Правила поводження з тваринами в експериментах відповідали європейському законодавству про захист тварин та їх комфорт, які утримуються на фермах.

Застосування плану підбору, спрямованого на отримання молодняку з генотипом *CTSF^{GC}* та *MC4R^{AG}* у поєднанні (свиноматок (ВБ×Л) з кнурями-плідниками термінальних ліній "Maxter" і "Maxgroo") сприяло збільшенню забійного виходу на 0,4–1,4%, площі «м'язового вічка» на 0,2–1,4 см², підвищенню маси заднього окосту на 0,3–0,6 кг та показнику виходу м'яса з туші на 0,6–0,8%. Залежності хімічного складу м'яса свиней досліджених поєднань від їх генотипу за генами катепсину та меланокортину нашими дослідженнями не встановлено. Для отримання молодняку свиней з вищими м'ясними ознаками застосувати підбір, спрямований на отримання тварин з генотипами *CTSF^{GC}* та *MC4R^{AG}*.

Ключові слова: свині, ген *CTSL*, ген *MC4R*, сучасний генофонд, відгодівельні ознаки, м'ясні ознаки.

Lykhach V.Ya., Lykhach A.V., Faustov R.V. The influence of genotype for *CTSF* and *MC4R* genes on fattening and meat parameters of pigs

Important factors in increasing animal productivity are the use of molecular genetic methods for identifying animals with "desired" genotypes based on DNA markers of productivity indicators. One of the important tasks of breeding work in pig breeding is the development of criteria for predicting the genetic value of individuals based on the main economically useful traits. Marker-assisted selection (MAS, marker-assisted selection) technologies are actively used in pig breeding, which involves the genotyping of individuals by loci that control economic traits, and the use of the obtained molecular information for the evaluation of genotypes, selection of animals.

The main aim of the work was to establish the association of pig genotypes for the *CTSF* and *MC4R* genes with their fattening and meat characteristics. The research was carried out on

the basis of genotyping of the main herd of purebred pigs of the White Large (WL), Landrace (L), synthetic lines "Maxter" and "Maxgroo" according to CTSF and MC4R genes. The identified features of the genetic structure of the studied breeds and lines of pigs became the basis for further elucidation of the degree of association of the genotypes of young animals according to the MC4R and CTSF genes with fattening and meat qualities in the conditions of "Tauriya Pigs" LLC (Skadovsk, Kherson region, Ukraine). The rules for the treatment of animals in the experiments corresponded to the European legislation on the protection and comfort of animals kept on farms.

The application of the selection plan aimed at obtaining young animals with the CTSFGC and MC4RAG genotype in combinations (sows (WL×L) with breeding boars of the terminal lines "Maxter" and "Maxgroo") contributed to an increase in the slaughter yield by 0.4–1.4%, the area of the "muscle eye" by 0.2–1.4 cm², an increase in the weight of the back bone by 0.3–0.6 kg, and the rate of meat yield from the carcass by 0.6–0.8%. Our research did not establish the dependence of the chemical composition of the meat of pigs of the investigated combinations on their genotype for cathepsin and melanocortin genes. To obtain young pigs with higher meat characteristics, we should use selection aimed at obtaining animals with CTSFGC and MC4RAG genotypes.

Key words: pigs, CTSF gene, MC4R gene, modern gene pool, fattening traits, meat traits.

Постановка проблеми. Важливими факторами підвищення продуктивності тварин є створення належних умов утримання та годівлі тварин, що спричиняє пошук різноманітних підходів до умов адаптації та комфортного перебування тварин в умовах господарства. У зв'язку з цим, мають місце застосування, з одного боку – технологічні методи поліпшення м'ясності свиней, засновані на елементах етології, біоетики, годівлі та утримання, з іншого боку – молекулярно-генетичні методи виявлення тварин з «бажаними» генотипами за ДНК-маркерами показників м'ясної продуктивності. Однією із важливих задач селекційної роботи у свинарстві є розробка 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, 5, 8].

Аналіз останніх досліджень і публікацій. У свинарстві активно застосовувати технології маркер-асоційованої селекції (MAS, marker-assisted selection), яка передбачає генотипування особин за локусами, що контролюють господарські ознаки, і використання отриманої молекулярної інформації для оцінки генотипів, добору і підбору тварин. Встановлено велику кількість генів-кандидатів, що належать до таких локусів (локуси кількісних ознак, *QTL* – quantitative traits loci), що впливають на відгодівельні і м'ясні якості свиней. Але серед них відомо не так багато генів і відповідних ДНК-маркерів, що, з точки зору їх інформативності та сили асоціації з ознаками, можна ефективно використовувати у практиці [1, 8, 10, 17].

Як нами зазначено чисельними дослідженнями [1, 2–3, 6, 9], якість м'яса свиней генетично зумовлена ознака, що змінюється залежно від породи, живої маси, віку тварин, а також паратипових факторів. Тому, з метою задоволення споживчих потреб, виробникам свинини для підвищення якості м'яса цього виду тварин варто прийняти нові методи, що дозволяють виконувати підбір тварин з оптимальними поєднаннями і пропонується проводити аналіз генетичних факторів, що обумовлюють рівень кількості і якості свинини. Проте, існує ряд проблем стосовно швидкості оцінки вказаних показників, оскільки, з практичної точки зору, їх можливо визначити лише після забою тварин [2, 6, 9].

Розвиток сучасної науки дозволяє використовувати інноваційні методи прогнозування кількості та якості м'яса за допомогою ДНК-маркерів. Сьогодні

вже визначено кілька десятків основних генів, що впливають на якість свинини і в даній час активно використовуються за кордоном, ряд із них почали досліджувати і в Україні (наприклад, *CTSS*, *CTSL*, *CTSF*, *CTSB*, *CTSK*, *IGF2*) [1, 3, 10–14, 24–25]. Так, для прогнозування м'ясної продуктивності свиней використовують такі ДНК-маркери: ген катепсина *L* (*CTS*), *F* (*CTS*), ген рецептора меланокортину 4 (*MC4R*), ген інсуліноподібного фактору росту-2 (*IGF-2*), група генів, що кодуєть білки, що зв'язують жирні кислоти (*FABP*), ген гіпофізарного транскрипційного фактору-1 (*POU1F1*) тощо [15–16, 18–22].

Постановка завдання. Основною метою роботи було встановлення асоціації генотипів свиней за генами *CTSF* та *MC4R* з їх відгодівельними та м'ясними ознаками.

Матеріали і методи досліджень. Дослідження було проведено на підставі генотипування основного стада чистопородних свиней порід велика біла (ВБ), ландрас (Л) та синтетичних ліній “*Maxter*” і “*Maxgroo*” за генами *CTSF* та *MC4R*. Виявлені особливості генетичної структури досліджених порід та ліній свиней стали підставою для подальшого з'ясування ступеня асоціації генотипів молодняку за генами *MC4R* та *CTSF* з відгодівельними та м'ясними якостями в умовах ТОВ «Таврійські свині» (м. Скадовськ, Херсонська область, Україна).

Молекулярно-генетичне тестування проводилося в лабораторії генетики Інституту свинарства і АПВ НААН України. ДНК виділяли з щетини з використанням набору «*Diatom™DNA Prep 100*» («*Isogen*»). ДНК-типуювання 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 представлені в табл. 1.

Таблиця 1

Умови ПЛР-ампліфікації, ПЛР-ПДРФ паттерни алелів генів

Ген	Структура праймерів для ПЛР	ПЛР*	ПЛР-ПДРФ паттерни різних алелів
CTSF	F:5'-AGGGAGGGCTGGAGA-CGGAGTA-3' R:5' -TCATTCTGGCTCAGCTCCAC-3'	118/58/2,0	ПЛР-ПДРФ (<i>RsaI</i>): алель g.22G 118 п.н.; алель g.22C 97 + 21 п.н.
MC4R	F:5' -TACCCTGACCATCTTGATTG-3' R: 5' -ATAGCAACAGATGATCTCTTT-3'	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 використовувались набори реагентів для ампліфікації фірми «*Helicon*» (російська федерація). 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). Аналіз рестриктних фрагментів виконували за допомогою електрофорезу у 2% агарозному гелі. Візуалізацію проводили шляхом фарбування агарозного геля бромистим етидієм з подальшим переглядом в ультрафіолетовому світлі на транслюмінаторі. Фотофіксацію здійснювали цифровим фотоапаратом «*Canon EOS 250D 18-55 DC*».

Вивчення відгодівельних та м'ясних якостей проводили за відповідними загальноприйнятими методичними рекомендаціями [4, 7]. Всю статистичну обробку було проведено за допомогою програмного забезпечення *GenAIEx* [23].

Правила поводження з тваринами в експериментах відповідають європейському законодавству про захист тварин та їх комфорт, які утримуються на фермах (директива № 95/58 ЄС «З охорони сільськогосподарських тварин» Ради ЄС від 20.07.1998 р. з поправками внесеними Регламентом ЄС № 806/203 від 14.04.2003 р., № 91/630 ЄС «Мінімальні стандарти щодо захисту свиней» від 19.11.1991 з поправками внесеними Регламентом ЄС).

Виклад основного матеріалу дослідження. При оцінці впливу генотипів молодняку свиней різного походження за геном катепсину *F* на їх відгодівельні ознаки (табл. 2) було встановлено, що тварини з генотипом *CTSF^{GC}*, незалежно від їх походження, виявлено тенденцію до більш інтенсивного росту, що проявилось у найменшій тривалості відгодівлі до живої маси 100 кг. Найнижчим серед всіх дослідних груп даний показник був у молодняку поєднання (ВБ × Л) × «*Maxgroo*» – 158,4 доби.

Таблиця 2

Відгодівельні ознаки молодняку свиней з різними генотипами за геном *CTSF* ($n = 20$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Вік досягнення живої маси 100 кг, діб	Середньо-добовий приріст, г	Конверсія корму, кг
(ВБ × Л) × « <i>Maxter</i> »	CC	169,0±2,60	817,1±10,24	3,13
	GC	164,6±3,18	844,9±9,30*	3,06
(ВБ × Л) × « <i>Maxgroo</i> »	CC	163,3±3,70	868,8±12,40	3,01
	GC	158,4±2,92	907,9±10,30**	2,97

Примітки (тут і далі): * – $p < 0,05$; ** – $p < 0,01$; *** – $p < 0,001$ (у порівнянні гетерозиготних особин до гомозиготних в межах кожного поєднання).

Найвищий середньодобовий приріст під час відгодівлі також в усіх дослідних групах був притаманний тваринам – носіям генотипу *CTSF^{GC}*. Проте, ступінь їх переваги над своїми аналогами у тварин різного походження мав свої особливості. Так, серед піддослідного молодняку поєднання (ВБ × Л) × «*Maxter*» та (ВБ × Л) × «*Maxgroo*» тварини з генотипом *CTSF^{GC}* переважали своїх гомозиготних аналогів *CTSL^{CC}* на 27,8 г і 39,1 г, ($p < 0,05$; $p < 0,01$). Також для тварин поєднання (ВБ × Л) × «*Maxter*» та (ВБ × Л) × «*Maxgroo*» з генотипом *CTSL^{GC}* була притаманна менша конверсія корму – 2,97; 3,06 кг, відповідно.

У результаті оцінки відгодівельних ознак молодняку свиней з різними генотипами за геном меланокортинового рецептора встановлено, що, незалежно від породно-лінійної належності, вища інтенсивність росту, а отже, і менший вік досягнення живої маси 100 кг був притаманний гетерозиготним тваринам *MC4R^{AG}* (табл. 3). Зокрема, молодняк поєднання (ВБ × Л) × «*Maxter*» живої маси 100 кг досягав за 159,2 діб, що на 8,1 діб ($p < 0,01$) менше аналогічного показника їх ровесників з генотипом *MC4R^{GG}*.

Подібна тенденція встановлена і для молодняку, отриманого в результаті поєднання свиноматок ВБ × Л з кнурами термінальної лінії «*Maxgroo*» – гетерозиготні особини швидше за своїх гомозиготних аналогів досягали живої маси 100 кг на 5,3 діб ($p < 0,05$). Гетерозиготний молодняк усіх досліджених поєднань

Таблиця 3

Відгодівельні ознаки молодняку свиней з різними генотипами за геном

 $MC4R$ ($n = 20$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Вік досягнення живої маси 100 кг, діб	Середньодобовий приріст, г	Конверсія корму, кг
(ВБ × Л) × “Maxter”	AG	159,2±2,24	903,3±10,21	2,97
	GG	167,3±2,18**	815,1±9,61***	3,17
(ВБ × Л) × “Maxgroo”	AG	157,7±1,88	929,9±9,25	2,95
	GG	163,0±2,01*	858,3±9,90***	3,05

характеризувався нижчою конверсією корму. Найнижчі значення даної ознаки було встановлено у молодняку, отриманого від генотипу (ВБ × Л) × “Maxgroo” – 2,95 кг.

Отже, вищими показниками відгодівельних ознак характеризувався молодняк гетерозиготний за геном катепсину F ($CTSF^{GC}$) та гетерозиготний за геном меланокортину $MC4R^{AG}$.

При оцінці забійних ознак молодняку різного походження встановлено, що генотип тварин за геном катепсину F не має чітко вираженого, однозначного впливу на забійний вихід (табл. 4). Так, серед тварин поєднання (ВБ × Л) × “Maxter” та (ВБ × Л) × “Maxgroo” вищим забійним виходом характеризувалися гетерозиготні особини – 73,4% та 74,0%, відповідно, при статистично вірогідній різниці ($p < 0,001$; $p < 0,01$).

Таблиця 4

Забійні ознаки свиней з різними генотипами за геном $CTSF$ ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Забійний вихід, %	Довжина напівтуші, см	Товщина шпигу над 6–7 грудними хребцями, мм	Площа «м'язового вічка», см ²	Маса задньої третини напівтуші, кг
(ВБ × Л) × “Maxter”	CC	72,0±0,18	96,2±0,30	17,0±0,47	39,8±0,28	11,6±0,09
	GC	73,4±0,20***	96,8±0,42	16,6±0,50	40,0±0,30	12,4±0,11***
(ВБ × Л) × «Maxgroo»	CC	73,2±0,23	96,6±0,35	16,2±0,52	40,2±0,30	12,3±0,10
	GC	74,0±0,20**	97,2±0,28	16,0±0,58	41,6±0,22***	12,6±0,08**

За довжиною напівтуші та товщиною шпигу вірогідних відмінностей між тваринами з різними генотипами в усіх досліджуваних групах не виявлено.

Не встановлено однозначної залежності від генотипу за досліджуваним геном і за площею «м'язового вічка». Серед тварин поєднання (ВБ × Л) × “Maxter” та (ВБ × Л) × “Maxgroo” найвище значення даної ознаки було відмічено у гетерозиготних особин, хоча дана різниця є статистично вірогідною лише за використання кнурів термінальної лінії “Maxgroo”.

Маса задньої третини напівтуші у тварин всіх досліджуваних груп була найвищою у гетерозиготних тварин ($CTSF^{GC}$). До того ж, їх перевага над аналогами є статистично вірогідною ($p < 0,001$; $p < 0,01$).

При оцінці забійних якостей молодняку свиней з різними генотипами за геном меланокортину встановлено, що більшість врахованих ознак мають вищі показники у тварин з генотипом $MC4R^{GG}$ (табл. 5).

Таблиця 5

Забійні ознаки свиней з різними генотипами за геном *MC4R*, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Забійний вихід, %	Довжина напівтуші, см	Товщина шпику над 6–7 грудними хребцями, мм	Площа «м'язового вічка», см ²	Маса задньої третини напівтуші, кг
(ВБ × Л) × “Maxter”	AG	73,1±0,22	96,0±0,21	17,2±0,22	38,4±0,31	11,9±0,15
	GG	73,5±0,17	96,2±0,30	16,3±0,10***	39,5±0,24**	12,1±0,21
(ВБ × Л) × “Maxgroo”	AG	73,5±0,16	95,4±0,34	16,8±0,30	39,0±0,25	12,0±0,20
	GG	74,0±0,18*	96,3±0,42	16,0±0,23*	39,9±0,16**	12,6±0,18*

За показником забійного виходу статистично вірогідною різниця між гомота гетерозиготними особинами була виявлена лише серед тварин поєднання (ВБ × Л) × “Maxgroo” – на 0,5% даний показник був вищим у молодняку з генотипом *MC4R^{GG}* – 74,0% ($p < 0,05$).

Статистично вірогідної різниці між гомота гетерозиготними особинами за показником довжина напівтуші встановлено не було у молодняку жодного із досліджуваних поєднань. Але, відмічено тенденцію до переваги гомозиготних тварин над їх гетерозиготними аналогами.

В цілому, за всіма досліджуваними поєднаннями меншою товщиною шпику характеризувалися тварини з генотипом *MC4R^{GG}* – 16,0–16,3 мм. У гетерозиготних особин даний показник коливався у межах 16,0–17,2 мм. Встановлено, що статистично вірогідна перевага гомозиготних особин над своїми гетерозиготними аналогами має місце в обох випадках молодняку, отриманого від напівкрівних свинь ВБ × Л, спарованих з кнурами-плідниками термінальних ліній “Maxter” і “Maxgroo”. Так, молодняк з генотипом *MC4R^{GG}* поєднання (ВБ × Л) × “Maxter” переважав своїх гетерозиготних аналогів на 0,9 мм ($p < 0,01$), а тварини поєднання (ВБ × Л) × “Maxgroo” – на 0,9 мм ($p < 0,01$).

У молодняку досліджуваних поєднань встановлено статистичну вірогідну перевагу тварин з гомозиготним генотипом *MC4R^{GG}* за показником площі «м'язового вічка» над гетерозиготними аналогами. Так, даний показник у гомозиготних тварин поєднання (ВБ × Л) × “Maxter” становив 39,5 см², що на 1,1 см² ($p < 0,01$) більше, ніж у гетерозиготних особин. Перевага гомозигот із поєднань (ВБ × Л) × “Maxgroo” становила 0,9 см² ($p < 0,01$).

Вищі показники маси задньої третини напівтуші також було виявлено у тварин з генотипом *MC4R^{GG}*, проте статистично вірогідно вони переважали своїх гетерозиготних аналогів лише у тому випадку, де батьківською формою виступала термінальна лінія кнурів “Maxgroo”, а саме у групі молодняку (ВБ × Л) × “Maxgroo”, дана різниця становила 0,6 кг ($p < 0,05$).

Отже, в цілому встановлено позитивний вплив гена катепсину *F* у гетерозиготному стані *CTSF^{GC}* та гена меланокортинового рецептора у гомозиготному стані за алелем *MC4R^G* на прояв більшості ознак забійних якостей свиней, незалежно від їх породності.

Кількісні та якісні показники м'ясності свиней генетично обумовлені. Дослідженнями [2, 3, 8] встановлено, що в оптимальних умовах утримання і годівлі м'ясність свиней на 63,7% визначається генетичними особливостями і лише на 36,3% – іншими паратиповими чинниками. Більш точний висновок про

продуктивність свиней можливо зробити на підставі даних про кількість і якість одержаної від них м'ясної продукції. Об'єктивним показником м'ясної продуктивності є морфологічний склад туші свиней.

За результатами обвалювання встановлено, що туші свиней з різними генотипами за геном катепсину *F* та меланокортину мали певні відмінності за морфологічним складом. Так, при оцінці туш, отриманих від молодняка з різними генотипами за геном катепсину *F* встановлено, що незалежно від поєднання тварин, тенденцію до переважання за вмістом м'яса в тушах мають гетерозиготні особини ($CTSF^{Gc}$) (табл. 6).

У всіх досліджуваних поєднаннях вміст м'яса в тушах становив 63,5–64,9%. Натомість, у гетерозиготних тварин даний показник коливався у межах 64,3–64,9%. Проте, статистично вірогідної різниці між гомо- та гетерозиготними генотипами встановлено не було.

Таблиця 6

Морфологічний склад туш піддослідного молодняка свиней з різними генотипами за геном $CTSF$, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Вміст у туші, %		
		м'ясо	сало	кістки
(ВБ × Л) × “Maxter”	CC	63,5±0,36	22,0±0,58	14,5±0,35
	GC	64,3±0,42	21,8±0,60	13,9±0,37
(ВБ × Л) × “Maxgroo”	CC	64,1±0,35	22,0±0,49	14,0±0,36
	GC	64,9±0,41	21,1±0,52	14,0±0,41

Вміст сала у тушах тварин з генотипом $CTSF^{CC}$ становив – 22,0%, а у їх гетерозиготних аналогів – у межах 21,1–21,8%, тобто різниця між тваринами за даним показником знаходилася у межах статистичної похибки. Аналогічну тенденцію відмічено і за показником вмісту кісток у тушах. Натомість, у тушах тварин, що мали різні генотипи за геном меланокортину, виявлено статистично вірогідні різниці за показниками вмісту м'яса та сала (табл. 7). Так, вміст м'яса у тушах тварин-носіїв гомозиготного генотипу $MC4R^{GG}$, що належали до поєднань, отриманих в результаті парування напівкровних свиноматок з кнурами термінальної лінії “Maxgroo” вірогідно переважав аналогічний показник гетерозиготних тварин відповідного поєднання.

Таблиця 7

Морфологічний склад туш піддослідного молодняка свиней з різними генотипами за геном $MC4R$, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Вміст у туші, %		
		м'ясо	сало	кістки
(ВБ × Л) × “Maxter”	AG	63,6±0,25	22,5±0,23	13,9±0,17
	GG	64,4±0,23	22,1±0,17	13,5±0,10
(ВБ × Л) × «Maxgroo»	AG	64,3±0,18	21,9±0,26	13,8±0,23
	GG	64,9±0,20*	21,2±0,17*	13,9±0,19

Зокрема, різниця між тушами тварин з гомо- та гетерозиготними генотипами дослідних поєднань становила – 0,8 (різниця статистично не вірогідна) та 0,6% ($p < 0,05$).

За вмістом сала у тушах відмічено протилежну тенденцію – туші тварин поєднань (велика біла × ландрас) × “Maxter” та (ВБ × Л) × “Maxgroo” з гомозиготним генотипом *MC4R^{GG}* поступалися своїм гетерозиготним аналогам на 0,4% та 0,7% ($p < 0,05$) відповідно

За вмістом кісток у туші піддослідних генотипів не виявлено вірогідної різниці, значення даного показнику знаходилося в межах – 13,5–13,9%.

Отже, ген меланокортину є більш інформативним за використання його у якості маркера показників морфологічного складу туш.

Якість свинини має генетичну зумовленість і змінюється залежно від породи, живої маси, віку тварин, а також умов зовнішнього середовища. Для того, щоб задовольнити нові споживчі вимоги, виробникам товарної свинини для підвищення її якості важливо прийняти нові методи, що дозволяють виконувати підбір тварин з оптимальними генотипами. Тому, бажано проводити аналіз генетичних факторів, що обумовлюють рівень кількості і якості свинини [2, 5, 8].

При оцінці фізико-хімічних властивостей м'яса свиней з різними генотипами за геном *CTSF* статистично вірогідної різниці між показниками активної кислотності, вологостримуючої здатності та інтенсивності забарвлення м'яса, отриманого від гомо- та гетерозиготних тварин нами не встановлено (табл. 8).

Таблиця 8

Фізико-хімічні показники м'яса свиней з різними генотипами за геном *CTSF*, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Кислотність, pH	Вологостримуюча здатність, %	Інтенсивність забарвлення, (од. екст. × 1000)
(ВБ × Л) × “Maxter”	CC	5,40±0,028	55,8±0,89	56,8±0,45
	GC	5,41±0,032	54,3±0,92	56,2±0,35
(ВБ × Л) × “Maxgroo”	CC	5,41±0,021	55,6±1,21	56,0±0,60
	GC	5,42±0,018	54,9±1,01	55,8±0,67

Кислотність м'яса становила 5,40–5,42 од., що є типовим значенням для м'яса нормальної якості. Вологостримуюча здатність коливалася в межах 54,3–55,8%. Отримані результати свідчать, що генотип тварин за геном катепсину не пов'язаний з наявністю вад м'яса та не визначає зміни його фізико-хімічних властивостей.

Також не встановлено вірогідної різниці за фізико-хімічними показниками м'яса свиней, отриманого від гомо- та гетерозиготних генотипів за геном *MC4R* (табл. 9).

Таким чином, нами не виявлено залежності фізико-хімічного складу м'яса свиней від алельного стану генів катепсину *F* та меланокортину.

В результаті аналізу хімічного складу м'яса, отриманого від свиней з різними генотипами за геном *CTSF* встановлено, що м'ясо від гомозиготних генотипів має дещо вищий вміст води, порівняно з м'ясом від тварин з генотипом *CTSF^{GC}* (табл. 10).

За вмістом жиру у тварин, отриманих від свиноматок (велика біла × ландрас) з кнурями-плідниками термінальних ліній “Maxter” і “Maxgroo”, тенденцію до переважання мали гетерозиготні особини. Однак, статистично вірогідної різниці не виявлено за жодним із досліджених показників.

Таблиця 9

Фізико-хімічні показники м'яса свиней з різними генотипами за геном *MC4R*, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Кислотність, pH	Вологоутримуюча здатність, %	Інтенсивність забарвлення, (од. екст. $\times 1000$)
(ВБ \times Л) \times "Maxter"	AG	5,40 \pm 0,020	54,1 \pm 1,25	55,9 \pm 0,71
	GG	5,43 \pm 0,021	55,0 \pm 0,95	55,7 \pm 0,69
(ВБ \times Л) \times "Maxgroo"	AG	5,40 \pm 0,021	54,6 \pm 1,18	55,7 \pm 0,68
	GG	5,40 \pm 0,019	55,0 \pm 1,00	55,8 \pm 0,70

За результатами аналізу хімічних властивостей м'яса свиней з різними генотипами за геном *MC4R* встановлено, що у свинині від гомозиготних тварин містилося більше вологи, порівняно з м'ясом гетерозиготних тварин (табл. 11).

Таблиця 10

Хімічні властивості м'яса свиней з різними генотипами за геном *CTSF*, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Загальна волога, %	Суха речовина, %	Жир, %	Протеїн, %	Зола, %
(ВБ \times Л) \times "Maxter"	CC	75,0 \pm 0,25	25,0 \pm 0,25	2,3 \pm 0,11	22,1 \pm 0,23	1,5 \pm 0,21
	GC	74,7 \pm 0,17	25,3 \pm 0,17	2,6 \pm 0,09	21,4 \pm 0,18	1,7 \pm 0,13
(ВБ \times Л) \times "Maxgroo"	CC	75,2 \pm 0,23	24,8 \pm 0,23	2,1 \pm 0,06	21,8 \pm 0,15	1,6 \pm 0,09
	GC	74,9 \pm 0,22	25,1 \pm 0,22	2,4 \pm 0,10	21,7 \pm 0,21	1,8 \pm 0,10

Зокрема, серед тварин поєднання (ВБ \times Л) \times "Maxgroo" така перевага становила 2,5% ($p < 0,05$). Серед тварин інших поєднань така перевага не була статистично вірогідною.

Таблиця 11

Хімічні властивості м'яса свиней з різними генотипами за геном *MC4R*, ($n = 5$), $\bar{X} \pm S_{\bar{x}}$

Поєднання	Генотип	Загальна волога, %	Суха речовина, %	Жир, %	Протеїн, %	Зола, %
(ВБ \times Л) \times "Maxter"	AG	73,3 \pm 0,32	26,7 \pm 0,32	2,7 \pm 0,11	21,4 \pm 0,15	1,6 \pm 0,18
	GG	74,0 \pm 0,59	26,0 \pm 0,59	2,3 \pm 0,15*	21,6 \pm 0,17	1,7 \pm 0,21
(ВБ \times Л) \times "Maxgroo"	AG	73,5 \pm 0,55	26,5 \pm 0,85	2,1 \pm 0,13	21,8 \pm 0,10	1,6 \pm 0,15
	GG	75,0 \pm 0,63*	25,0 \pm 0,93	1,9 \pm 0,11	22,0 \pm 0,11	1,7 \pm 0,20

За вмістом жиру відмічено статистично вірогідну різницю між м'ясом, отриманим від тварин з різними генотипами поєднання (ВБ \times Л) \times "Maxter". Вищий на 0,4% ($p < 0,05$) вміст жиру відмічено у гетерозиготних особин.

За вмістом протеїну та золи різниці між м'ясом, отриманим від тварин з різними генотипами за геном *MC4R* не встановлено.

Висновки і пропозиції. Застосування плану підбору, спрямованого на отримання молодняку з генотипом *CTSF^{GC}* та *MC4R^{AG}* у поєднаннях (свиноматок (ВБ×Л) з кнурами-плідниками термінальних ліній “*Maxter*” і “*Maxgroo*”) сприяло збільшенню забійного виходу на 0,4–1,4%, площі «м'язового вічка» на 0,2–1,4 см², підвищенню маси заднього окосту на 0,3–0,6 кг та показнику виходу м'яса з туші на 0,6–0,8%. Залежності хімічного складу м'яса свиней досліджених поєднань від їх генотипу за генами катепсину та меланокортину нашими дослідженнями не встановлено.

Для отримання молодняку свиней з вищими м'ясними ознаками застосовувати підбір, спрямований на отримання тварин з генотипами *CTSF^{GC}* та *MC4R^{AG}*.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Генетична структура популяцій свиней різних порід за генами *cts1* та *mc4r* / В. Я. Лихач, С. І. Луговий, І. П. Атаманюк, О. С. Крамаренко, Р. В. Фаустов. *Таврійський науковий вісник*. 2021. Вип. 118. С. 253–260.
2. Лихач В.Я. Технологічні інновації у свинарстві : монографія / В. Я. Лихач, А. В. Лихач. К. : ФОП Ямчинський О.В., 2020. 318 с.
3. 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.
4. Методологія та організація наукових досліджень у тваринництві / за ред. І. І. Ібатуліна і О. М. Жуковського : посібник. К., 2017, 328 с.
5. 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.
6. Оцінка, прогнозування та виробництво якісної продукції свинарства : монографія / В. М. Волощук, О. М. Жуковський, І. Б. Баньковська, С. О. Семенов. К. : Аграрна наука, 2020. 169 с.
7. Сучасні методики досліджень у свинарстві / Інститут свинарства УААН. Полтава, 2005. 228 с.
8. Технологія виробництва продукції свинарства : навч. посіб. / [В. С. Топіха та ін.]. Миколаїв : МНАУ, 2012. 453 с.
9. Технологія виробництва продукції свинарства : навчальний посібник [М. Повод, О. Бондарська, В. Лихач, С. Жишка, В. Нечмілов та ін.]; за ред. М. Г. Повода. К. : Науково-методичний центр ВФПО, 2021. 356 с.
10. 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>
11. 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. Vol. 181(1). P. 39–52.
12. 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. Vol. 37(4). P. 359–362.
13. Chen M., Wang A., Fu J., Li N. Different allele frequencies of *MC4R* gene variants in Chinese pig breeds . *Archiv fuer Tierzucht Dummerstorf*. 2004. Vol. 47(5). P. 463–468.

14. 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. Vol. 1. P. 47–50.
15. 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. Vol. 40. P. 401–409.
16. 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.
17. 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.
18. 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.
19. 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. Vol. 35(5). P. 386–390.
20. 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. Vol. 78(3). P. 791–792.
21. Meidtnr 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. Vol. 37 (3). P. 245–247.
22. 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. Vol. 33(2). P. 155–157.
23. Peakall R. O. D., Smouse P. E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*. 2006. Vol. 6(1). P. 288–295.
24. 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. Vol. 86(12). P. 3300–3314.
25. 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. Vol. 13(1). P. 46–50.