

Відтворна здатність корів погіршується з їх віком. Тривалість сервіс-періоду у корів 8-9 отелення (2440-2745 днів продуктивного життя) більше порівняно з молодшими коровами інших лактацій на 9,7-100%.

У корів 3-4 отелення (915-1220 днів продуктивного життя) вихід телят на 100 корів більший, ніж у корів інших отелень на 2,4-19,3 % з найбільшою перевагою над коровами 8-9 отелення (2440 – 2745 днів продуктивного життя) на 16,0 – 19,3%. Коефіцієнт інтенсивності молочної продуктивності корів зменшувався від першої до дев'ятої лактації на 0,0007 або 77,8%.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Зубець М.В. Економічна оцінка порід великої рогатої худоби /М.В. Зубець, П.І. Шаран, Й.З. Сірацький // УААН, Інститут розведення і генетики тварин. – К.: Аграрна наука. – 1996. – 122с.
2. Лебедько Е.Я. Повышение продолжительности продуктивного использования молочных коров / Е.Я. Лебедько // Аграрна наука. – 1997. - №2. – С. 30-31.
3. Плохинский Н.А. Руководство по биометрии для зоотехников / Н.А. Плохинский. – М.: Колос, 1969. – 256с.
4. Суровцев В. Повышение эффективности молочного скотоводства путем увеличения срока продуктивного использования коров / В.Суровцев, Ю. Никулина // Животноводство России. – 2011. -№6. – С.14-16.
5. Технологія виробництва молока і яловичини / [В.І. Костенко , Й.З. Сірацький, Ю.Д. Рубан та ін.]. – К.: Аграрна освіта, 2010. – 530с.
6. Шкурко Т. Продуктивне використання корів / Т.Шкурко // Тваринництво України. – 2011. - №7. – С.5-9.

УДК 639.3: 597–115

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА СТАДА НИВКІВСЬКОГО ЛУСКАТОГО КОРОПА «ЛЕБЕДИНСЬКОЇ РМС» СУМСЬКОЇ ОБЛАСТІ

Маріуца А.Е. - к. с.-г. н., старший науковий співробітник.

Інститут рибного господарства НААН, м. Київ

Тарасюк С.І. – д. с.-г. н., професор, член.– кор. НААН.

Інститут рибного господарства НААН, м. Київ

Шапошніков В.Г. - директор «Лебединської РМС». м. Лебедин

Проведені дослідження генетичної структури стада нивківського лускатого коропа «Лебединської РМС» за використання молекулярно-генетичних маркерів (ISSR-PCR). ISSR-аналіз дозволив вивчити генетичну мінливість на популяційному рівні. Оптимізований ISSR-метод може служити ефективним інструментом для подальших генетичних досліджень. Одержані результати дозволяють контролювати селекційно-плеїнну роботу в процесі відтворення генотипу наявних популяцій риб. Для підвищення ефективності селекційно-плеїнної роботи у рибництві доцільно використовувати генетичні маркери, які мають високу специфічність до окремих фрагментів ДНК риб.

Ключові слова: молекулярно-генетичні методи, ДНК-маркери, нивківський лускатий короп, генотип, амплікон

Мариуца А. Э., Тарасюк С. И., Шапошников В. Г. - Генетическая структура стада нивчанского чешиучатого карпа «Лебединской РМС» Сумской области

Проведены исследования генетической структуры стада нивчанского чешиучатого карпа «Лебединской РМС» при использовании молекулярно-генетических маркеров (ISSR-PCR). ISSR-анализ позволил изучить генетическую изменчивость на популяционном уровне. Оптимизированный ISSR-метод может служить эффективным инструментом для дальнейших генетических исследований. Полученные результаты позволят контролировать селекционно-племенную работу в процессе воспроизводства генофонда популяций рыб. Для повышения эффективности селекционно-племенной работы в рыбоводстве целесообразно использовать генетические маркеры, имеющие высокую специфичность к отдельным фрагментам ДНК рыб.

Ключевые слова: молекулярно-генетические методы, ДНК-маркеры, нивчанский чешиучатый карп, генотип, ампликон.

Mariutsa A., Tarasiuk S., Shaposhnikov V. - Genetic structure of Nyvkian scaly carp herd from "Lebedinsky FMS", Sumy region

Abstract. It has been investigated the genetic structure of Nivkian scaly carp herd from "Lebedinsky FMS" by the molecular genetic markers. ISSR-analysis allowed to study the genetic variability at the population level. Specific "population" polymorphic ISSR-markers identified during our investigations allow to use this information in further studies for development genetic certification using modern techniques. ISSR-analysis optimized method can serve as an effective instrument for further genetic researches of carp population. Got results, allow to control breeding tribal work in the process of gene pool reproduction of the present fish populations. For the increase of breeding work efficiency in fisheries it is expedient the using of genetic markers that have high specificity to the separate fragments of fish DNA.

Key words: molecular genetics methods, genetic structure, Nyvkian carp, DNA-markers, genotype, amplicon.

Постановка проблеми. Основним об'єктом риборозведення в Україні був і залишається короп. Породам коропа, виведеним в Україні, притаманний ряд позитивних ознак, які значно підвищують промислову та економічну цінність даного виду і роблять його основним об'єктом вітчизняного рибництва. Однак, стабілізація репродуктивного стада з потрібними показниками потребує постійної селекційної роботи, яка у класичній формі представляє собою комплекс тривалих і трудомістких методів. Тому пошук альтернативних шляхів у селекції є однією з найбільш актуальних проблем сучасного тваринництва [1, 2].

Нивківський внутрішньопорідний тип коропа створено у 60-90-х роках на базі дослідного господарства «Нивка» Інституту рибного господарства методом ввідного схрещування лускатих самок антонінсько-зозуленецького внутрішньопорідного типу коропів з самцями російської ропшинської порідної групи. Лускаті коропи – випасного типу, добре пристосовані до умов вирощування у великих руслових ставах, до споживання природних кормів, особливо за екстенсивного ведення господарства. Як показало державне породо випробування вони перевищили контрольних дзеркальних галицьких коропів за темпом росту на 17%, виживаністю на 24%, за використанням природної кормової бази – на 46%. За загальною продуктивністю рамчасті та лускаті коропи істотно не відрізняються між собою. Плодючість плідників лускатого коропа складає 300-600 тис. екз. три-, чотириденних личинок. За характером лускового покриву цей короп нагадує сазана, однак луска його більш світла, з золотавим відтінком, вона розташовується рівними черепицеподібними рядами по всьому тілу. В порівнянні з рамчастим коропом,

лускатий характеризується більш видовженими формами тіла з відносно меншою головою [3].

Збагачена спадковість нивківських коропів забезпечує їм більш раннє дозрівання, високу плодючість, ступінь виживання та темп росту. За своїми спадковими особливостями нивківські коропи характеризуються підвищеною холодо-та зимостійкістю [4].

Очевидно, що розробка генетично обґрунтованих програм по збереженню, поліпшенню і раціональному використанню генофондів риб неможлива без глибоких досліджень особливостей їхніх генетичних структур. Такі дослідження є основою визначення ймовірності прояву того чи іншого стану ознаки у майбутніх нащадків.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. У сучасних дослідженнях генетичної структури здебільшого використовують підходи ідентифікації поліморфізму на рівні ДНК [5, 6]. В селекційно – племінній галузі рибництва для встановлення особливостей генетичної структури груп риб все частіше використовують високополіморфні молекулярно-генетичні маркерні системи за використання ПЛР [7,8]. Популярність цих методів обумовлена, насамперед, можливістю оцінювання як міжпородної, так і внутрішньопородної мінливості досліджуваних тварин. Саме застосування у дослідженнях значної кількості маркерів, при жорсткому відборі особин з унікальним поєднанням ознак, є основним шляхом для вивчення можливих взаємозв'язків між різними морфофізіологічними системами на рівні ДНК [9].

Для ISSR-маркерів використовують праймери, комплементарні до мікросателітних повторів, які мають на одному з кінців послідовність з 2-4 довільних нуклеотидів. За допомогою такого підходу можна ампліфікувати фрагменти ДНК, що знаходяться між двома близько розташованими послідовностями, які вважаються унікальними. У результаті одержують значну кількість видоспецифічних ПЦР-продуктів, представлених дискретними смугами на електрофореграмі [10].

Постановка завдання. З метою вивчення внутрішньо породних особливостей генетичної структури, пошуку генетичних відмінностей і з'ясування можливого впливу на її генетичну структуру умов розведення в роботі виконано порівняльний аналіз розподілу фрагментів ДНК у нивківського лускатого коропа за використання ISSR-методу[11].

У дослідженнях використовували особин нивківського лускатого коропа «Лебединської рибоводно-меліоративної станції», Сумської обл. Відібрано зразки крові з хвостової вени у 30 особин Як консервант використовували гепарин, з розрахунку 25 МО на 1 мл крові. Відібрану кров фракціонували центрифугуванням впродовж 10 хвилин. Отримані фракції плазми, лейкоцитів та еритроцитів фасували у пробірки типу «Eppendorf», заморожували і зберігали за температури -18°C . ДНК виділяли з еритроцитів за допомогою набору реагентів «Diatom DNA Prep 100» згідно з рекомендаціями виробника. ПЛР проводили за використання стандартного набору для проведення полімеразної ланцюгової реакції «GenePak PCR Core» («Лабораторія Ізоген»). Для ПЛР використовували ампліфікатор «Mastercycler» (Eppendorf). У пробірки з ліофілізованою сумішшю, що містила 1 од. Taq-полімерази, 200 мкМ дезоксинуклеозидтрифосфатів, 2,5 мМ MgCl_2 , вносили 5 мкл (20нг) ге-

номної ДНК, 5 мкл 0,2 мМ праймеру, 10 мкл ПЛР-розчину. Реакцію проводили в наступному режимі: перший етап – денатурація 2 хв. за 95°C; наступні 35 циклів: денатурація – 30 с за 94°C, 30 с відпал – за 58°C, синтез – 2 хв. – за 72°C. Продукти ПЛР аналізували методом електрофорезу, який проводили у 2%-ому агарозному гелі. Візуалізацію фрагментів ДНК проводили в ультрафіолетовому випромінюванні на транслюмінаторі Caution (Франція) за використання барвника бромистого етидію (0,5мкг/мл гелю) з фіксуванням електрофореграм цифровою камерою Canon EOS 450D (Японія). Визначення генотипів зразків здійснювали за використання маркера молекулярних мас 1-кб DNA Ladder (Gibco BRL) (Україна). Статистичне опрацювання та аналіз даних гелів проводили за використання програми TotalLab V2.01 [12].

Виклад основного матеріалу досліджень. Аналіз поліморфізму та упадкування алельних варіантів анонімних послідовностей геномної ДНК за низкою мікросателітних праймерів проводився з використанням PCR-ISSR аналізу. При виборі праймерів керувалися тим фактором, що геном коропа містить 9% повторів типу GT і майже 3% – AC (65000-100000 копій), повторюваність. GA при цьому складає до 5000 копій на гаплоїдний набір хромосом [13]. Виходячи з хімічних властивостей будови нуклеотидів пуринової та піримідинової груп можна передбачити більшу частину мутаційних подій пуриннасичених ділянках ДНК. Крім цього, за даними інших авторів, що вивчення поліморфізму окремих локусів ДНК і розрахунку рівня гетерозиготності особин найбільш придатними виявилися локуси з високим вмістом азотистих основ групи пуринів- A+G, або пурин-піримідинових сполук A+C [14].

Проведено виявлення поліморфізму генетичної структури за використання трьох праймерів з тринуклеотидною коровою частиною і якірною з одного нуклеотиду: (AGC)₆G, (ACC)₆G, (AGC)₆C. Досліджували отриманий спектр ампліконів та проводили оцінку гетерогенності даної популяції.

У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (AGC)₆G сумарно виявлено 35 ампліконів, розмір яких знаходився у межах 450 – 2500 п.н. Спектри нараховували від двох до восьми ампліконів. За праймером (AGC)₆G у популяції виявлено сім алелів. Кількість ампліконів довжиною 450 п.н., 2500 п.н., становила 11,4%. Кількість ампліконів довжиною 500 п.н., та 2000 п.н., становила 5,7%. (табл. 1).

За використання праймеру (ACC)₆G у популяції виявлено дев'ять алелів. Кількість ампліконів довжиною 2000 п.н., 3500 п.н., становила 4,17%. Кількість ампліконів довжиною 800 п.н., 1600 п.н., 2500 п.н., та 3000 п.н., становила 8,3%. Кількість ампліконів довжиною 1300 п.н., та 1400 п.н., становила 16,7%. (табл. 1). У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (ACC)₆G сумарно виявлено 24 амплікони, розмір яких знаходився у межах 800 – 3500 п.н. Спектри нараховували від одного до шести ампліконів. (рис.1).

У популяції нивківського лускатого коропа за використання праймеру (AGC)₆C сумарно виявлено 43 амплікони, розмір яких знаходився у межах 300 – 2500 п.н. Спектри нараховували від одного до шести ампліконів. За праймером (AGC)₆C у популяції виявлено 13 алелів. Кількість ампліконів довжиною 300 п.н., 450 п.н., 1000 п.н., 2000 п.н., становила 9,3%. Кількість ампліконів

довжиною 1500 п.н., та 2500 п.н., становила 6,9%. Кількість ампліконів довжиною 550 п.н., 700 п.н., та 900 п.н., становила 2,3%. Кількість ампліконів довжиною 400 п.н., та 750 п.н., становила 11,7%. (табл. 1).

**Таблиця 1 - Характеристика спектрів ISSR-PCR
нивківського лускатого коропа**

Довжина фрагментів ДНК, п.н.	К-ть алелів	Загальна к-ть ампліконів в спектрі	% ампліконів
(AGC) ₆ G			
2500			11,4
2000			5,7
1500			22,9
1000			20
750			23
500			5,7
450			11,4
	7	35	
(ACC) ₆ G			
3500			4,17
3000			8,3
2500			8,3
2000			4,17
1600			8,3
1400			16,7
1300			16,7
900			25
800			8,3
	9	24	
(AGC) ₆ C			
2500			6,9
2000			9,3
1500			6,9
1000			9,3
900			2,3
800			4,6
750			11,7
700			2,3
550			2,3
500			13,9
450			9,3
400			11,7
300			9,3
	13	43	

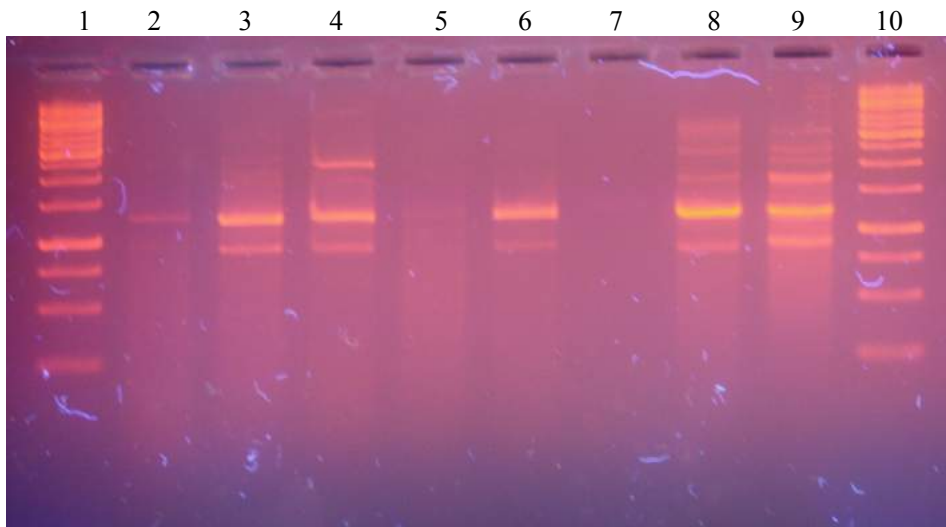


Рис. 1. Електрофоретичний спектр ампліконів нивківського лускатого коропа (ISSR-PCR) отриманий за використання праймеру $(ACC)_6G$ – доріжки № 2-9; № 1,10 – маркер молекулярної ваги Gene Ruler 1kb DNA Ladder.

Висновки. Таким чином, виявлені специфічні особливості розподілу алельних варіантів ДНК-маркерів можуть характеризувати напрям селекційно-плеємінної роботи, яка ведеться в даному господарстві. Варіацій виявлених ампліконів достатньо, щоб формувати селекційні групи. Для підвищення генетичного розмаїття дослідженої популяції нивківського лускатого коропа доцільним є підбір батьківських пар за низкою використаних ISSR-праймерів.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Базалій В.В., Шерман І.М., Пилипенко Ю.В. Основи рибогосподарської генетики: Навч. Посібник.- Херсон: Олди-плюс, 2007.-279 с.
2. Андрияшева М.А. Концепция сохранения генофонда природных популяций рыб//ГОСНИОРХ, Санкт-Петербург, 1996.-66 с.
3. Грициняк І.І, Гринжевський М.В,Третяк О. М, Ківа М.С, Мрук А.І, Фермерське рибництво. К.: Герб,2008.- 560с.
4. Шерман І.М., Гринжевський М. В., Грициняк І.І. Розведення і селекція риб. – К.– «БМТ».– 1999,238 с.
5. Wallace R. B. DNA recombinant technology. Boca Raton (Fla.)// CRC press, 1983.212 p.
6. Saiki R.K., Gelfand D.H., Stoffel S., Higuchi R. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase // Science. 1988. V.239. N.2. P.487-91.
7. Schlotterer C. Evolutionary dynamics of microsatellite DNA.// Chromosoma. 2000; V.109. P.365–371.
8. Сулимова Г.И. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Генетика. 1995. Т. 31. № 9. С.1294-1299.

9. Buntjer J.B., Otsen M., Nijman I.J., Kuiper M.T.R., Lenstra J.A. Phylogeny of bovine species based on AFLP fingerprinting. //Heredity. 2002. V.88. N.1. P.46.
10. Gupta M., Chyi Y.S., Romero-Severson J., Owen J.L. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of Inter simple-sequence repeats // Theoret. Appl. Genet. 1994. V.89. P.998-1006.
11. Neve G, Meglecz E. Microsatellite frequencies in different taxa.// Trends Ecol. Evol. 2000;V15:№9 376–377.
12. <http://www.totallab.com>.
13. Wintero A.K. Variable(d Y-d T)n-(d C-d A)n sequence in the porcine genome. A.K Wintero, M. Fredhoem P.D. Tomsen \ Genomics.-1992.-V.12.-P.281-288
14. Abot P. Individual and population variation in vertebrates revealed by Intersimple sequence Repeats (ISSRs)\ P. Abot\J.Insect Sci.2001.-V.1, № 8.- P.15-18.

УДК 636.4.03.082

М'ЯСНІ ЯКОСТІ СВИНЕЙ РІЗНИХ ГЕНОТИПІВ

Пелих В.Г. – д.с-г н, професор, член-кореспондент НААН України
Ушакова С.В. – аспірант, ДВНЗ «Херсонський державний аграрний університет»

У статті викладені результати досліджень забійних і м'ясних якостей свиней різних генотипів. Найвищий забійний вихід встановлений у тварин групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) 73,77 %. Свині групи ♀(Вб×Л)×♂(П×Д) перевищували чистопорідних тварин та тварин генотипу ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) за площею «м'язевого вічка» на +11,25 см² і +0,6 см² відповідно та за масою задньої третини напівтуши на +1,80 кг і +0,45 кг. Найменшою товщиною штику (15,75 мм) та вищим вмістом сирого протеїну в м'ясі (21,10 %) виділялися свині варіанту схрещування ♀(Вб×Л)×♂(П×Д). За вмістом вологи у м'язевій тканині переважали тварини групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П).

Ключові слова: схрещування, туша, м'ясні якості, товщина штику, площа «м'язевого вічка», сирій протеїн, рН.

Пельх В.Г., Ушакова С.В. Мясные качества свиней разных генотипов

В статье изложены результаты исследований убойных и мясных качеств свиней различных генотипов. Высокий убойный выход установлен у животных группы ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) 73,77%. Свиньи группы ♀(Вб×Л)×♂(П×Д) превышали чистопородных животных и животных генотипа ♀(Вб×Л)×♂(Д×В) по площади «мышечного глазка» на +11,25 см² и + 0,6 см² соответственно и по массе задней трети полутуши на +1,80 кг и 0,45 кг. Наименьшей толщиной штика (15,75 мм) и высоким содержанием сырого протеина в мясе (21,10 %) выделялись свиньи варианта скрещивания ♀(Вб×Л)×♂(П×Д). По содержанию влаги в мышечной ткани преобладали животные группы ♀(Вб×Л)×♂(Д×В).

Ключевые слова: скрещивание, туша, мясные качества, толщина штика, площадь «мышечного глазка», сырой протеин, рН.

Pelykh V.G., Ushakova S.V. Meat quality of pigs of different genotypes

The article presents the results of research into slaughter and carcass traits of pigs of different genotypes. The study has found the highest carcass yield in animals of the ♀(LW×L)×♂(D×P) group 73,77%. The pigs of the ♀(LW×L)×♂(P×D) group exceeded purebred animals and animals of the ♀(LW×L)×♂(D×P) genotype in the loin eye area by 11,25 cm² (P<0,001) and 0,6 cm², respectively, and by the weight of the posterior third of half carcass by

1,80 kg ($P < 0,05$) and 0,45 kg. The minimum fat thickness (15,75 %) and the highest content of crude protein in pork (21,10 %) was in pigs of the ♀(LW×L)×♂(P×D) combination. The animals of ♀(LW×L)×♂(D×P) group dominated by the content of moisture in the muscle tissue.

Keywords: crossing, carcass, meat traits, fat thickness, loin eye area, crude protein, pH.

Постановка проблеми. Підвищення конкурентоспроможності виробництва свинини на вітчизняному ринку потребує переходу на більш інтенсивний рівень ведення свинарства, що обумовлює необхідність використання спеціалізованих м'ясних порід свиней, які забезпечують максимальний ефект у чистопорідному розведенні, схрещуванні і гібридизації при подальшій селекції в сторону збільшення м'ясності туш. Це зумовлено збільшенням попиту населення на пісну свинину та зменшенням затрат енергії на отримання м'ясної туші порівняно із жирною [1].

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Використання промислового схрещування в товарному виробництві свинини не вимагає значних затрат, у порівнянні із чистопородним розведенням і забезпечує одержання високопродуктивного молодняка, завдяки чому є економічно вигідним [2]. З метою збільшення виробництва високоякісної свинини проводять дослідження різних варіантів схрещування та гібридизації з максимальним використанням високопродуктивних м'ясних порід свиней [2, 3, 4, 5]. Значне підвищення відгодівельних і м'ясних ознак у помісного молодняка забезпечує використання свиней порід ландрас, дюрк і п'етрен, особливо у схрещуванні з генотипами аналогічного напрямку продуктивності [6].

На сучасному етапі селекційної роботи у свинарстві ведеться пошук найбільш ефективних варіантів поєднання порід свиней, що давали б змогу підвищити їх продуктивні якості. Більш детального вивчення потребує питання використання у даному процесі зарубіжних порід.

Постановка завдання. У задачу наших досліджень входило вивчення кращих світових генотипів свиней, завезених в Україну, з метою отримання конкурентоспроможної свинини високої якості. А також провести порівняльну оцінку забійних і м'ясних якостей свиней різних генотипів.

Методика досліджень. Дослідження проводилися в умовах ТОВ «Фрідом Фарм Бекон» Херсонської області. Використовувалися чистопорідні свині ♀ВБ×♂ВБ – контроль та помісні тварини двох варіантів схрещування ♀(ВБ×Л)×♂(Д×П♀) і ♀(ВБ×Л)×♂(П×Д).

Забійні та м'ясо-сальні якості оцінювали за загальноприйнятими методиками.

Для проведення фізико-хімічних досліджень м'язової тканини відбирали проби з найдовшого м'яза спини між 9...12 грудними хребцями. Хімічний аналіз м'язової тканини проводили згідно ГОСТ 25011-81, ГОСТ 9793-74, ДСТУ ISO 2917-2001, ГОСТ 23042-86, ГОСТ 9794-74.

Виклад основного матеріалу дослідження. Результати контрольного забою свиней свідчать про найвищий забійний вихід у свиней групи ♀(ВБ×Л)×♂(Д×П) (73,77 %), що перевищували контрольну групу великої білої породи на +3,60 % та групу ♀(ВБ×Л)×♂(П×Д) на +0,83% (табл.1).

Свині групи ♀(ВБ×Л)×♂(П×Д) перевищували чистопорідних тварин та тварин генотипу ♀(ВБ×Л)×♂(Д×П) за площею «м'язового вічка» на +11,25 см² ($P < 0,001$) і +0,6 см² відповідно та за масою задньої третини напівтуші на

+1,80 кг ($P < 0,05$) і +0,45 кг. Встановлена найнижча товщина шпигу у свиней поєднання $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$ (15,75 мм), що вірогідно була меншою за контрольну групу на -6,5 мм і за поєднання $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$ на -0,25 мм. Довжина туші свиней великої білої породи перевищувала аналогів групи $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$ на +0,25 см, групи $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$ на +2,25 см. Максимальним виходом м'яса характеризувалися свині поєднання $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$ (65,48 %), що на +7,30 % перевершували тварин контрольної групи $\text{♀Вб} \times \text{♂Вб}$ і на +1,22 % свиней поєднання $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$ (табл.2).

Таблиця 1 - Забійні якості свиней

Показники	$\text{♀Вб} \times \text{♂Вб}$	$\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$	$\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$
Забійний вихід, %	70,17	73,77	72,94
Товщина шпигу над 6-7 грудними хребцями, мм	22,25±2,29	16,00±0,71*	15,75±0,85*
Площа «м'язового вічка», см^2	31,40±0,90	42,05±1,14***	42,65±1,42***
Довжина туші, см	99,75±2,17	99,50±1,04	97,25±1,11
Маса задньої третини напівтуші, кг	11,55±0,48	12,90 ±0,25*	13,35±0,55*

Примітка: * - $P < 0,05$; ** - $P < 0,01$; *** - $P < 0,001$

Найменший вміст сала був виявлений у свиней варіанту схрещування $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$ (24,79 %), що менше від тварин контрольної групи на -5,76 % і за тварин групи $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$ на -1,23 %.

Встановлено найвищий показник співвідношення м'яса до сала в групі $\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$ (1:0,36).

Таблиця 2 - Морфологічний склад туш свиней

Показники	$\text{♀Вб} \times \text{♂Вб}$	$\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{Д} \times \text{П})$	$\text{♀}(\text{Вб} \times \text{Л}) \times \text{♂}(\text{П} \times \text{Д})$
М'ясо, %	58,18	64,26	65,48
Сало, %	30,55	24,79	23,56
Кістки, %	11,27	10,94	10,96
Співвідношення м'ясо: сало	1:0,53	1:0,39	1:0,36

На рисунку 1 наглядно зображено морфологічний склад туш свиней у залежності від варіанту поєднання вихідних генотипів.

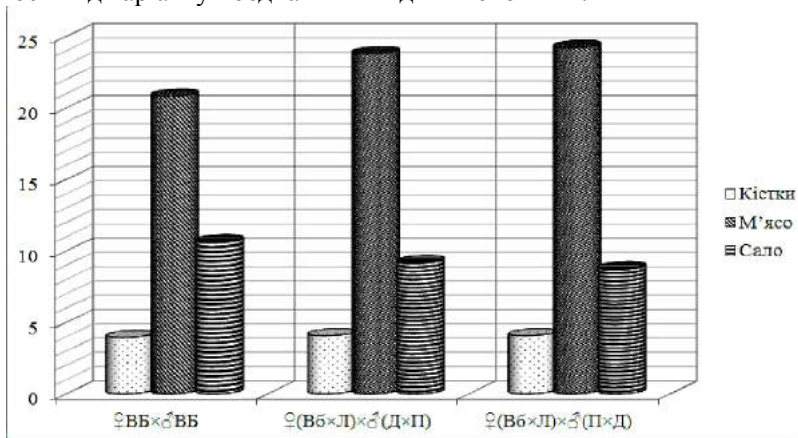


Рис. 1. Морфологічний склад туш, кг

Результати вивчення рівня розвитку внутрішніх органів свиней показали наявність деяких відмінностей чотирьохпородних помісей у порівнянні з чистопородними свинями великої білої породи (табл. 3).

Таблиця 3 - Показники розвитку внутрішніх органів у свиней, кг

Показники	♀ВБ×♂ВБ	♀(Вб×Л)×♂(Д×П)	♀(Вб×Л)×♂(П×Д)
Голова	7,005±0,187	7,050±0,210	6,600±0,183
Печінка	1,780±0,092	1,930±0,079	2,017±0,099
Селезінка	0,097±0,004	0,100±0,008	1,104±0,003
Нирки	0,309±0,039	0,339±0,021	0,332±0,023
Легені з гортанню	0,571±0,032	0,501±0,022	0,604±0,041
Серце	0,291±0,018	0,315±0,035	0,303±0,006
Внутрішній жир	1,500±0,042	1,438±0,085	1,448±0,108

Хоча вірогідної різниці між ними не виявлено, але маса печінки, нирок та серця була більшою у свиней дослідних груп ♀(Вб×Л)×♂(Д×П) і ♀(Вб×Л)×♂(П×Д), які швидше досягли забійних кондицій, а вміст внутрішнього жиру у них виявився меншим, що пояснюється присутністю породи п'єтрен, яка не схильна до накопичення жирів. Отримані нами дані узгоджуються із роботами вчених [7, 8], які відмітили кращий розвиток внутрішніх органів тварин у схрещуванні.

У дослідженнях, направлених на отримання туш з високою якістю м'яса і сала, встановлена перевага нащадків помісних кнурів ♀П×♂Д, якими покривали помісних маток ♀ВБ×♂Л (табл.4).

Таблиця 4 - Якісні показники м'яса свиней

Показники	♀ВБ×♂ВБ	♀(Вб×Л)×♂(Д×П)	♀(Вб×Л)×♂(П×Д)
Загальна волога,%	72,10	73,95	73,30
Сирий протеїн, %	20,50	20,70	21,10
Сирий жир,%	4,55	4,13	4,10
Фосфор, мг/%	102,25±0,48	103,75±1,65	104,00±0,71*
pH	6,05±0,10	5,80±0,08	5,85±0,05

Примітка: * - P<0,05; ** - P<0,01, *** - P<0,001

За вмістом вологи у м'язевій тканині переважали тварини групи ♀(Вб×Л)×♂(Д×П). Найвищими показниками вмісту сирого протеїну характеризувалися зразки м'яса, одержані від поєднання ♀(Вб×Л)×♂(П×Д) (21,10%), що на +0,6% більше від контрольної групи. Схожі дані були отримані у дослідях Р.І. Шейко та ін. [9], а також іноземних вчених Monin G. et al. [10], які виявили більш високий вміст протеїну в м'ясі помісного молодняка з використанням спеціалізованих м'ясних порід. Таким чином, підтверджується тенденція швидкого росту свиней, отриманих у багатопородному схрещуванні. Кількість фосфору в усіх зразках м'яса була від 102,25 мг/% у чистопородних свиней великої білої породи до 104,00 мг/% у групи чотирьохпородних тварин ♀(Вб×Л)×♂(П×Д).

Кислотність м'яса знаходилася у межах норми, а вміст сирого жиру найбільшим виявився у великої білої породи (4,55%). Найнижча кількість сирого жиру спостерігалася у зразках м'язевої тканини поєднання ♀(Вб×Л)×♂(П×Д) (4,10%), а найвища у групи ♀ВБ×♂ВБ (4,55%).

Якісні показники м'яса поєднань свиней, що вивчалися, показують вплив генотипу на якість свинини, що підтверджує важливість підбору вихідних батьківських форм для більш повної реалізації потенціалу м'ясних ознак.

Висновки. Використання помісних кнурів ♀П×♂Д у поєднанні із матками ♀ВБ×♂Л, є ефективним для отримання високих забійних та м'ясних якостей. М'ясо свиней даної групи було найбільш пісним.

Високий вміст загального білку у м'язевій тканині помісних свиней у чотирьохпородному схрещуванні (20,7%...21,1%) свідчить про інтенсивність формування їх м'ясної продуктивності.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Волощук В.М. Відгодівельні, забійні та м'ясні якості підсвінків м'ясних порід / В.М. Волощук, А.П. Василів // Свинарство. - Вип. 62. - 2013. - С. 8-13
2. Кодак Т. Забійні якості відгодівельного молодняка, одержаного від різних поєднань / Т. Кодак, В. Вовк // Тваринництво України. - 2014. - № 7. - С. 18-20.
3. Онищенко А. О. Порівняльне вивчення відгодівельних та м'ясних якостей свиней різних генотипів / А. О. Онищенко // Вісник аграрної науки Причорномор'я. - 2006. - № 3. (35) - С.103.
4. Сусол Р. Л. Продуктивні якості свиней сучасних генотипів зарубіжної селекції за різних методів розведення в умовах Одеського регіону / Р. Л. Сусол // Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія: Тваринництво. - 2014. - Вип. 2(2). - С. 92-98
5. Томін Є. Ф. Ефективність використання свиней великої білої породи за різних методів розведення: автореф. дис. канд. с.-г. наук: 06.02.01 / Є. Ф. Томін // Національний університет біоресурсів і природокористування України. - К., 2009. - 16 с
6. Войтенко С.Л. Відгодівельні ознаки чистопородного і гібридного молодняка свиней у залежності від їх походження / С.Л. Войтенко, М.О. Петренко., Б.С. Шаферівський // Свинарство. - № 65. - 2014. - С.89-94.
7. Данілова Т.М. Підвищення ефективності використання сучасного генофонду свиней великої білої породи при чистопородному розведенні, схрещуванні та гібридизації: Автореф. дис. канд. с.-г. наук: 06.02.01 / Т.М. Данілова ; УААН. Ін-т свинарства. — Полтава, 2001. - 20 с.
8. Лихач В. Я. Формування продуктивних якостей свиней спеціалізованих м'ясних генотипів при чистопородному розведенні та схрещуванні: автореф. дис. канд. с.-г. наук: 06.02.01 / В. Я. Лихач ; Херсонський державний аграрний університет - Херсон, 2006. - 19 с.
9. Шейко Р.И. Откормочные и мясные качества молодняка свиней при использовании хряков специализированных мясных пород / Р.И. Шейко, Л.А. Федоренкова, В.Н. Заяц и др. // Зоотехническая наука Беларуси: сб. науч. тр. - Жодино, 2012. - Т. 47, ч. 1. - С. 202-209
10. Influence of breed and muscle metabolic type on muscle glycolytic potential and meat pH in pigs / G. Monin [et al.] // Meat Science.—1987. - Vol. 20, No 2. - P. 149–158