
ТВАРИННИЦТВО, КОРМОВИРОБНИЦТВО, ЗБЕРЕЖЕННЯ ТА ПЕРЕРобКА СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКОЇ ПРОДУКЦІЇ

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

УДК 575.113:63.27.082(477)
DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2021.119.20>

АНАЛІЗ ОСОБЛИВОСТЕЙ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ РІЗНИХ ПОПУЛЯЦІЙ КОРІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ ЗА ПОЛІМОРФІЗМОМ ЛОКУСІВ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК

Альшмайлах Х. – 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
Ляшенко Ю.В. – к.с.-г.н., с.н.с., завідувач лабораторії молекулярно-генетичних
і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві,
Інститут тваринництва Національної академії аграрних наук України

Проведено порівняльний аналіз генетичної структури двох популяцій корів української чорно-рябої молочної породи за різними типами молекулярно-генетичних маркерів – PCR-RFLP (поліморфізм довжини рестрикційних фрагментів) та SSCP (одноланцюговий конформаційний поліморфізм). В обох популяціях тварин досліджено поліморфізм локусів лептину (LEP) та фактора некрозу пухлин альфа (TNF- α). За результатами проведених досліджень з'ясовано, що різні популяції дослідних порід корів характеризуються схожими значеннями частот переважальних алелей за локусами LEP та TNF- α , але різними значеннями частот генотипів та параметрами гетерозиготності. Для обох дослідних популяцій за локусом LEP характерним є превалювання частоти алеля С (0,77 та 0,72); за локусом TNF- α – алеля А (0,58 та 0,56 відповідно). Водночас між двома популяціями для обох локусів виявлені відмінності за як показниками очікуваної, так і фактичної гетерозиготності. Для першої популяції значення показників фактичної та очікуваної гетерозиготності склали 0,27 та 0,35 для LEP; 0,84 та 0,49 для TNF- α . Для другої популяції – 0,44 та 0,40 для LEP; 0,72 та 0,49 для TNF- α . З'ясовано, що варіювання показників генетичної мінливості залежить від маркера, який використовується. У випадку із SSCP значення цього показника суттєво вище порівняно з використанням PCR-RFLP, що пов'язано з показником кількості алелів на локус. За локусом LEP виявлено істотні відмінності у значеннях індексу фіксації Райта (0,23 проти -0,1 відповідно). За локусом TNF- α встановлений значний ексцес гетерозиготних особин в обох популяціях – індекс фіксації Райта складає -0,71 та -0,47 відповідно. В умовах відсутності використання спрямованого добору за генотипом популяції відрізняються одна від одної за окремими локусами внаслідок відмінностей у вихідному племінному матеріалі.

Ключові слова: велика рогата худоба, популяція, поліморфізм, локус, ген, алель, генетична рівновага, селекція, мінливість.

Alshamaileh H., Kulibaba R.O., Liashenko Yu.V. Genetic structure features analysis of different populations of Ukrainian Black-Pied cattle breed by QTL polymorphism

A comparative analysis of the genetic structure of two populations of Ukrainian black-pied dairy cows by different types of molecular genetic markers – PCR-RFLP (restriction fragment length polymorphism) and SSCP (singlestrand conformation polymorphism) was conducted. Polymorphism of leptin (*LEP*) and tumor necrosis factor alpha (*TNF- α*) loci was studied in both animal populations. Studies showed that different populations of experimental cow breeds were characterized by similar values of predominant alleles frequencies at *LEP* and *TNF- α* loci, but different values of genotype frequencies and heterozygosity parameters. Both experimental populations for *LEP* locus are characterized by a predominance of allele C frequencies (0.77 and 0.72); for *TNF- α* – a predominance of allele A frequencies (0.58 and 0.56, respectively). At the same time, the differences between two populations for both loci were found by values of expected and obtained heterozygosity. For the first population, the values of obtained and expected heterozygosity were 0.27 and 0.35 for *LEP*; 0.84 and 0.49 for *TNF- α* . For the second population – 0.44 and 0.40 for *LEP*; 0.72 and 0.49 for *TNF- α* , respectively. It was found that the variation of genetic variability depends on the marker used – in the case of SSCP the value of this indicator is significantly higher compared to the use of PCR-RFLP, which is primarily due to the number of alleles per locus. By the *LEP* locus, there we revealed significant differences in the values of the Wright fixation index (0.23 vs. -0.1, respectively). By the *TNF- α* locus, a significant excess of heterozygous individuals was found in both populations – the Wright fixation index is -0.71 and -0.47, respectively. In the absence of the use of marker-assisted selection, the populations differ from each other by individual loci due to differences in the original breeding material.

Key words: cattle, population, polymorphism, locus, gene, allele, genetic equilibrium, selection, variability.

Постановка проблеми. Підвищення ефективності селекційно-плеїнної роботи є одним з основних завдань сучасного тваринництва. Наразі використання різних ДНК-технологій (маркер-асоційована селекція, геномна селекція) як безпосередньої складової частини у загальній стратегії селекції, є майже рутинною практикою у загальному масиві досліджень. В Україні, не дивлячись на наявність робіт у галузі дослідження поліморфізму білків сироватки крові, груп крові, а також інших об'єктів (на рівні аналізу фенотипової мінливості), відбувається поступове зосередження уваги на можливості дослідження особливостей генетичної структури (як складника MAS) безпосередньо на рівні ДНК. У контексті вищезазначеної ситуації до перспективних напрямів досліджень належить вивчення поліморфізму різних генів, продукти яких пов'язані з виявом господарсько корисних ознак. До відмінних рис цього підходу належить необхідність дослідження нових об'єктів (генів, мутацій), дані стосовно варіативності яких у різних популяціях тварин на цей час відсутні. Це методичне правило суттєво відрізняє такий підхід від майже нескінченного потоку повторюваних науково-дослідних робіт, зосереджених на аналізі одних і тих же локусів (каппа-казеїн, лактоглобулін тощо) в обмеженій кількості порід і популяцій.

Із цієї точки зору до одних із найбільш цікавих об'єктів, які майже не вивчені в Україні, належить мутація A59V у гені лептину, а також поліморфізм локусу фактора некрозу пухлин альфа.

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Лептин (*LEP*) – пептидний гормон, який синтезується жировою тканиною, бере участь у багатьох фізіологічних функціях організму, насамперед у регуляції жирового та енергетичного обміну, активності імунної і репродуктивної систем [1; 2].

Ген лептину (*LEP*) розташований у четвертій хромосомі ВРХ і містить три екзони (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/280836>). У сучасній генетиці тварин (ВРХ) лептин розглядають як ген-кандидат у маркери м'ясних якостей [3; 4]. Однак у деяких публікаціях виявлений асоціативний зв'язок аельних варіантів

гена лептину з показниками чутливості/резистентності до маститу, а також із показниками кількості соматичних клітин у молоці корів різних порід, що робить цей локус перспективним у контексті досліджень, що проводяться [5; 6].

Фактор некрозу пухлин альфа (TNF- α), також відомий як кахексин, – білок, що належить до суперродини цитокінів. Показано зв'язок фактора некрозу пухлин з індукуванням апоптозу в деяких типах клітин [7]. Спектр фізіологічних функцій цього білка досить різноманітний, адже він бере участь у регуляції великої кількості процесів, що відбуваються у клітині, проліферації, диференціюванні, росту та функціонуванні імунної системи [8]. Також відмічена його участь у регуляції репродуктивних функцій у великої рогатої худоби [9].

Ген *TNF- α* великої рогатої худоби розташований у 23 хромосомі, містить у своєму складі 4 екзони (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/280943>). У різних породах великої рогатої худоби різних регіонів світу виявлено численні мутації у функціональних структурних елементах гена. Так, виявлено мутації -824 A/G, -793 C/T у промоторному фрагменті гена в популяціях червоної степної, симентальської та голштинської порід [10].

Виявлено поліморфізм й у інших функціональних фрагментах гена (5' та 3' фланкувальних ділянках, екзонних фрагментах тощо) у різних комерційних та нативних породах ВРХ [11; 12]. В останні роки з'явилися повідомлення про зв'язок виявлених алейних варіантів *TNF- α* з факторами чутливості/резистентності до маститів, клітинних реакцій на вірус лейкозу ВРХ, а також із параметром кількості соматичних клітин у молоці [13].

Як правило, за результатами досліджень поліморфізму будь-яких генів у різних популяціях тварин результати інтерпретують у контексті породи як такої. При цьому залишається відкритим питання стосовно впливу різних селекційних програм на генетичний профіль окремих популяцій тварин за конкретними QTL, тобто те, наскільки дані, отримані за результатами аналізу окремої популяції тварин, можна екстраполювати на інші популяції у межах однієї породи. Пошук відповіді на це питання за використання конкретних модельних об'єктів і привів нас до формулювання мети досліджень.

Постановка завдання. Мета роботи – провести порівняльний аналіз генетичної структури двох популяцій корів української чорно-рябої молочної породи за локусами лептину (*LEP*) та фактора некрозу пухлин альфа (*TNF- α*).

Дослідження проведено в лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН, а також на кафедрі біології тварин Національного університету біоресурсів і природокористування України. Як об'єкт досліджень використовували дві популяції корів української чорно-рябої молочної породи.

Як джерело біологічного матеріалу використовували волосяні цибулини. Для виділення ДНК із проб використовували набір реагентів ДНК-Сорб-В (амплісенс, Російська федерація).

Генотипування особин дослідних популяцій тварин проводили за використання методів PCR-RFLP для *LEP* та PCR-SSCP для *TNF- α* .

Аналіз алейного різноманіття локусу лептину (*LEP*) проводили з визначення HphI-поліморфізму третього екзону гена, викликаного транзицією C/T, що призводить до заміни аланіну на валін (мутація A59V) у відповідному білку. Для ампліфікації екзонної частини *LEP* використовували праймери GGAAGGGCAGAAAGATAG та TGGCAGACTGTTGAGGATC [14]. Температура відпалу праймерів становила 56°C. Розмір ампліфікованого фрагмента –

331 п.н. Після проведення ампліфікації проводили рестрикцію за використання ендонуклеази HphI відповідно до протоколу виробника (Thermo Scientific). HphI-поліморфізм досліджуваного локусу призводить до утворення одного сайту рестрикції, який виникає в результаті транзиції С/Т, що призводить до виникнення рестрикційних фрагментів довжиною 311 і 20 п.н. Електрофорез продуктів ампліфікації проводили у 1,5%-ому агарозному гелі, візуалізацію проб – в ультрафіолетовому спектрі за використання етидіуму броміду.

Поліморфізм гену *TNF- α* визначали за використання методу PCR-SSCP. Ампліфікацію проводили з використанням праймерів TACTGCTCCATCCCTTGAC та GAGAAGACAAGACCCATCAG [15]. Ампліфікована ділянка гена містить частину інтрону 1, екзон 2 та частку інтрону 2. Температура відпалу праймерів – 55°C. Розмір ампліфікованого фрагменту – 239 п.н. Електрофорез продуктів ампліфікації проводили за методикою SSCP: 12% нативний ПААГ (акриламід/бісакриламід – 100:1) з вмістом гліцерину 5% та 0,5×ТВЕ. Денатурацію проб перед унесенням проводили за 95°C упродовж 5 хв. за співвідношення проба/формамід – 1:5; електрофорез проводили за температури 10°C за напруги 180–200 V упродовж 16–18 годин у 0,5×ТВЕ [16]. Візуалізацію фрагментів ДНК у гелі проводили за використання етидіуму броміду в ультрафіолетовому спектрі та з фарбуванням сріблом.

За результатами досліджень визначали загальні генетико-популяційні параметри: фактичний і теоретичний розподіл генотипів, частоти генотипів і алелів, відповідність стану генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом тодом χ^2 , ступінь гетерозиготності популяцій, індекс фіксації Райта. Розрахунки проведено з використанням програми Popgene32 (https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html).

Виклад основного матеріалу дослідження. Із метою проведення порівняльного аналізу генетичної структури різних популяцій (Pop 1 та Pop 2) української чорно-рябої молочної породи використовували різні господарства Харківської області. Результати з типування за першої популяції (Pop 1) використовували з роботи [17].

За результатами досліджень встановлено поліморфізм за обома локусами в дослідній популяції тварин.

За локусом LEP у популяції виявлено всі можливі варіанти генотипів (CC, CT і TT). Встановлені патерни рестрикції повністю збігаються з очікуваними.

Дані з особливостей генетичної структури двох популяцій корів української чорно-рябої молочної породи наведено на рис. 1.

У випадку, що розглядається, слід зазначити, що для першої популяції (Pop 1) виявлено порушення стану генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом (Hardy-Weinberg Equilibrium, HWE) ($\chi^2 = 4,97$), тоді як для другої популяції (Pop 2) відмінностей від рівноважного стану не визначено ($\chi^2 = 0,84$). Ситуація, яку ми спостерігаємо, зумовлена відсутністю панміксії в дослідних популяціях (Pop 2), яка є основою підтримання HWE. Незважаючи на відсутність спрямованої селекції за досліджуваним локусом, використовувани в господарствах схеми селекційно-плеїмної роботи з обмеженою кількістю плідників значно впливають на розподіл частот алелів і генотипів у невеликих за розміром штучних популяціях.

Як ми бачимо на наведеній діаграмі, кількість гетерозиготних особин у другій популяції майже сягає половини вибірки, тоді як у першій популяції – лише однієї четвертої її частини. Незважаючи на такий розподіл частот генотипів, час-

тоти алелів у різних популяціях різняться менш виражено. Для обох популяцій характерним є суттєве перевищення частоти трапляємості алелю С, що підтверджує дані інших авторів стосовно підвищеної частоти трапляємості цього алелю у популяціях та породах корів молочного напрямку продуктивності. Різниця у значеннях параметрів фактичної та очікуваної гетерозиготності призвела до істотних відмінностей у значеннях коефіцієнта інбридингу – індексу фіксації Райта F_{is} (0,23 проти -0,1 відповідно). Значення F_{is} є зручним параметром оцінки відхилення від HWE, а величина χ^2 між розподілом фактичних і розрахункових частот генотипів є критерієм достовірності цього відхилення.

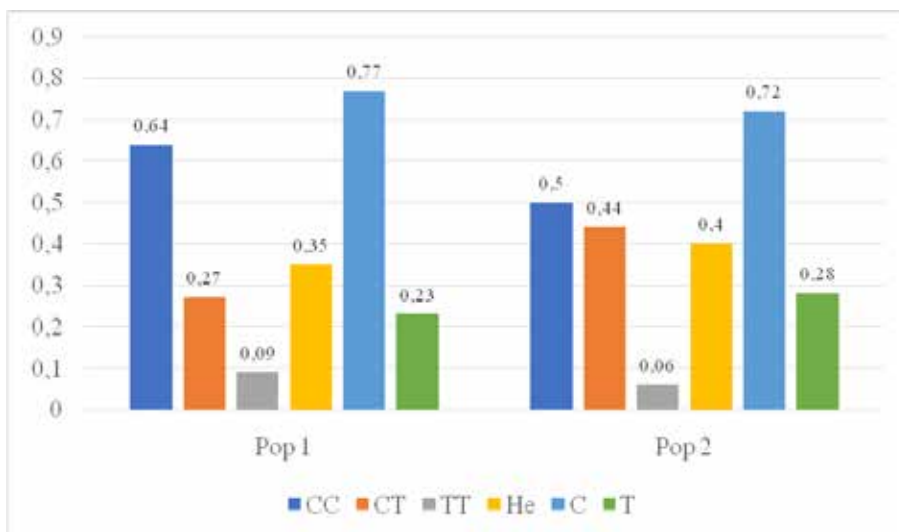


Рис. 1. Особливості генетичної структури двох популяцій корів української чорно-рябої молочної породи за локусом *LEP* (*A59V*, *HphI*-поліморфізм третього екзону)

У випадку з *TNF- α* ситуація ще більше різниться внаслідок особливостей SSCP-маркерів. За результатами досліджень у другій популяції тварин виявлено різні SSCP-патерни, що збігаються за структурою з отриманими раніше для першої популяції, які відрізняються за значенням частот трапляємості (рис. 2).

У дослідній популяції (Pop 2) також виявлено три алелі (як і в популяції 1) – А, В та F, однак за розподілом частот генотипів картина виглядає дещо інакше (рис. 2).

У другій популяції тварин виявлено алель В у гомозиготному стані (ВВ), у першій популяції цей генотип відсутній. Незважаючи на різницю у кількості виявлених генотипів та їх частоти, за значенням частот алелів дослідні популяції дуже схожі. В обох випадках переважальним за частотою трапляємості є алель А. Частоти інших алелів демонструють суттєво нижчі значення. Для першої популяції значення фактичної (H_o) та очікуваної (H_e) гетерозиготності склали 0,84 та 0,49; для другої популяції – 0,72 та 0,49 відповідно. Значення індексу фіксації Райта у першому випадку -0,71, що вказує на досить виражений ексцес гетерозиготних особин. У другій популяції $F_{is} = -0,47$; що також свідчить про ексцес гетерозигот, який, однак, суттєво менший, ніж у першій популяції.

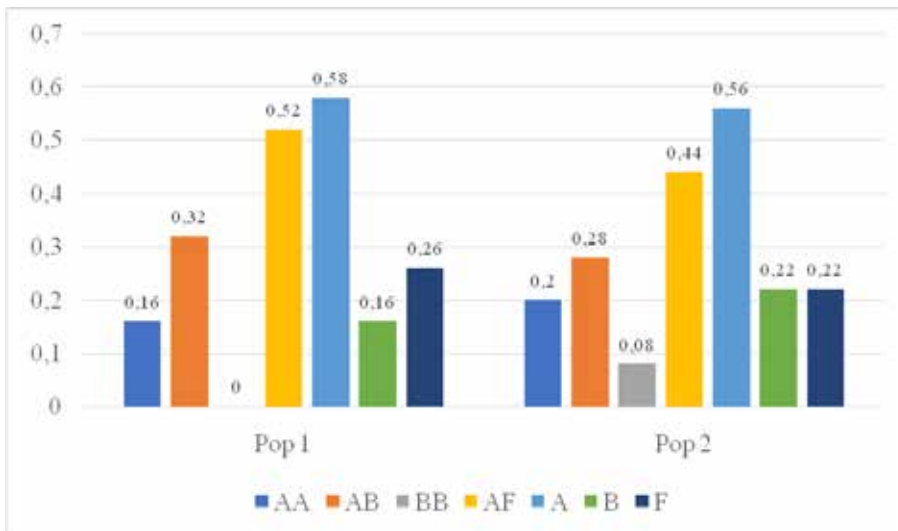


Рис. 2. Особливості генетичної структури двох популяцій корів української чорно-рябї молочної породи за локусом *TNF-α* (PCR-SSCP)

Як слїдує з досліджень, порівняння популяцій за значенням частот алелів указує на схожі результати. В обох популяціях у кожному з випадків виявлено подібні значення частот переважальних алелів. Водночас за аналізом частот генотипів виникають виражені відмінності, які досягають свого максимального значення у параметрах гетерозиготності (H_o). Між двома популяціями для двох локусів виявлені відмінності як за показниками очікуваної, так і фактичної гетерозиготності. При цьому за аналізом індексу фіксації Райта виявлено перевагу гомозиготних особин у першій популяції за локусом *LEP* та значний ексцес гетерозигот за *TNF-α*. У другій популяції у кожному випадку наявний ексцес гетерозигот.

Певні поправки до результатів аналізу генетичної структури може надати той факт, що у випадку з першою популяцією вибірка складала 100 голів, а для другої – 50. Однак у будь-якому випадку кількість тварин, що були використані для проведення досліджень, перевищує порогове значення (30 голів) чисельності популяції для малих вибірок, тому порівняння груп є коректним і об'єктивно відображає закономірності, що спостерігаються в досліджуваних популяціях ВРХ. Особливості генетичної структури, на нашу думку, відображають селекційну роботу з тваринами у кожному з господарств. Мета роботи в обох випадках – максимальна реалізація продуктивного потенціалу тварин у напрямі молочної продуктивності. Однак за умовами добору фактор генотипу за дослідними локусами не враховувався внаслідок використання саме класичних селекційних методів (не MAS), що й призвело до картини генетичної структури, що спостерігається. Варіації особливостей генетичної структури дослідних популяцій ВРХ викликані відмінностями у вихідному племінному матеріалі, а також можливим дрейфом генів на тлі застосування штучного добору в нечисленних штучних популяціях. Проте слід зазначити, що превалювання частоти трапляння певних алелів обох локусів указує на «супутній» відбір мутантних варіантів за допомогою проведення класичних селекційних заходів. У цьому випадку закріплення «бажаного» алелю у популяції відбувається за допомогою його асоціації з показниками продуктивності тварин

(молочна продуктивність). Альтернативні алельні варіанти закріплюються в популяції за допомогою їх «маскування» в гетерозиготному стані або в результаті мінорного ефекту на вияв кількісної ознаки.

Висновки і пропозиції. Таким чином, за результатами проведених досліджень з'ясовано, що різні популяції корів української чорно-рябої молочної породи характеризуються схожими значеннями частот переважальних алелей за локусами *LEP* та *TNF- α* . Варіювання показників генетичної мінливості (H_e) залежить від маркера, який використовується, у випадку із SSCP значення цього показника суттєво вище, ніж його ж за використання PCR-RFLP. В умовах відсутності використання спрямованого добору за генотипом (MAS, геномна селекція) популяції відрізняються одна від одної за окремими локусами внаслідок відмінностей у вихідному племінному матеріалі, а також можливого впливу таких мікроеволюційних факторів, як добір та дрейф генів.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Buchanan F.C., Van Kessel A.G., Waldner C., Christensen D.A., Laarveld B., Schmutz S. M. Hot Topic: An Association Between a Leptin Single Nucleotide Polymorphism and Milk and Protein Yield. *J. Dairy Sci.* 2003. Vol. 86. P. 3164–3166.
2. Domínguez-Mancera B., Barrientos-Morales M., Cervantes-Acosta P., Hernández-Beltrán A., Rodríguez-Andrade A., González-Ramírez R., Monjaraz E., Felix R. Leptin regulation of inward membrane currents, electrical activity and LH release in isolated bovine gonadotropes. *BiochemBiophys Res Commun.* 2017. Vol. 491(1). P. 53–58. DOI:10.1016/j.bbrc.2017.07.037
3. Yang D., Chen H., Wang X., Tian Z., Tang L., Zhang Z., Lei C., Zhang L., Wang Y. Association of polymorphisms of leptin gene with body weight and body sizes indexes in Chinese indigenous cattle. *Journal of Genetics and Genomics.* 2007. Vol. 34(5). P. 400–405.
4. Wang L., Raza S.H.A., Gui L., Li S., Liu X., Yang X., Wang S., Zan L., Zhao C. Associations between UASMS2 polymorphism in leptin gene and growth, carcass and meat quality traits of cattle: a meta-analysis. *Animal Biotechnology.* 2020. DOI:10.1080/10495398.2020.1805327
5. Kulig H., Kmieć M., Wojdak-Maksymiec K. Associations between Leptin Gene Polymorphisms and Somatic Cell Count in Milk of Jersey Cows. *Acta Vet. Brno.* 2010. Vol. 79. P. 237–242. DOI:10.2754/avb201079020237
6. Deshpande M., Rank D. N., Vataliya P. H., Joshi C. Study of leptin gene polymorphism in mehsana buffaloes (*Bubalus bubalis*). *Buffalo Bulletin.* 2014. Vol. 33, No. 1. P. 115–119. DOI:10.3168/jds.S0022-0302(03)73918-6
7. Nelson Chau B., Chen T., Wan Y.T., DeGregori J., Wang J.Y.J. Tumor Necrosis Factor Alpha-Induced Apoptosis Requires p73 and c-ABL Activation Downstream of RB Degradation. *Molecular and cellular biology.* 2004. Vol. 24, No 10. P. 4438–4447. DOI:10.1128/MCB.24.10.4438-4447.2004
8. El-Tahan R.R., Ghoneim A.M., El-Mashad N. TNF- α gene polymorphisms and expression. *Springer Plus.* 2016. Vol. 5:1508 DOI:10.1186/s40064-016-3197-y
9. Yudin N. S., Aitnazarov R. B., Voevoda M. I., Gerlinskaya L. A., Moshkin M. P. Association of Polymorphism Harbored by Tumor Necrosis Factor Alpha Gene and Sex of Calf with Lactation Performance in Cattle. *Asian Australas. J. Anim. Sci.* 2013. Vol. 26, No.10. P. 1379–1387.
10. Крыцына Т.И., Кочнев Н.Н., Юдин Н.С. Генетическое разнообразие крупного рогатого скота по комплексу генотипов локусов TNF- α и TNFR1. *Сибирский вестник сельскохозяйственной науки.* 2017. Том 47, № 2. С. 66–73.
11. Bojarojc-Nosowicz B., Kaczmarczyk E., Jastrzebska A. Relationship between polymorphism in the tumour necrosis factor-alpha gene and selected indices and

cell subpopulations in naturally bovine leukaemia virus-infected and healthy cows. *VeterinariMedicina*. 2018. Vol. 63 (03). P. 101–109. DOI:10.17221/135/2017-VETMED

12. Muhagheh-Dolatabady M., Rahimi Rezaei A. Sequence Characterization in 3'-Flanking Region of Bovine *TNF- α* : Association with Milk Production Traits and Somatic Cell Score in Holstein Cattle of Iran. *Iranian J Biotech*. 2018. Vol. 16(1):e1195. DOI:10.15171/ijb.1195

13. Sattar H., Firyal S., Awan A. R., Rehman H., Sajid Hasni M., Aqib A. I. Genetic Association of Bovine *TNF- α* Gene Polymorphism with Clinical and Sub-clinical Mastitis in Sahiwal Cows. *Pakistan J. Zool*. 2019. Vol. 51(6). P. 2373–2376. DOI:10.17582/journal.pjz/2019.51.6.sc2

14. Haegeman A., Van Zeveren A., Peelman L. J. New mutation in exon 2 of the bovine leptin gene. *Animal Genetics*. 2000. Vol. 31. P. 79. DOI:10.1111/j.1365-2052.2000.579-14.x.

15. Ranjan S., Bhushan B., Panigrahi M. Association and Expression Analysis of Single Nucleotide Polymorphisms of Partial Tumor Necrosis Factor Alpha Gene with Mastitis in Crossbred Cattle. *Animal Biotechnology*. 2015. Vol. 26 (2). P. 98–104.

16. Barroso A., Dunner S., Canon J. Technical Note: Detection of bovine kappa-casein variants A, B, C, and E by means of polymerase chain reaction-single strand conformation polymorphism (PCR-SSCP). *J. Anim. Sci*. 1998. Vol. 76. P. 1535–1538.

17. Kulibaba R., Liashenko Y., Sakhatskyi M., Osadcha Y., Alshamaileh H. Polymorphism of LEP and *TNF- α* Genes in the Dairy Cattle Populations of Ukrainian Selection. *Basrah J. Agric. Sci*. 2021. Vol. 34(1). P. 180–191. DOI:10.37077/2520086.0.2021.34.1.16

УДК 636.596

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2021.119.21>

ПОРІВНЯЛЬНА ОЦІНКА М'ЯСНИХ ПОРІД ТА СХРЕЩЕНИХ ГРУП ГОЛУБІВ

Вінюков А.О. – с.н.с.,

Донецька державна сільськогосподарська дослідна станція

Національної академії аграрних наук України

Вінюков О.О. – д.с.-в.н., старший дослідник, директор,

Донецька державна сільськогосподарська дослідна станція

Національної академії аграрних наук України

Однією з актуальних проблем, що стоять перед птахівництвом, є збільшення виробництва, підвищення якості продукції та розширення видового складу птиці щодо більшої широкого використання нетрадиційних видів. На споживчому ринку відмічене зростання попиту на високоякісну і екзотичну м'ясну продукцію, як-от м'ясо страусів, фазанів, цесарок, перепелів, голубів, м'ясо яких відрізняється високим умістом білка і низьким жиру.

У низці країн зарубіжжя споживчий попит визначає голубине м'ясо як дієтичну альтернативу іншим видам м'ясної продукції. Мета досліджень – оцінити м'ясні породи та схрещені групи голубів за продуктивністю. Дослідження проводились у 2018–2020 рр. методом груп періодів із використанням стандартизованих в Україні методик.

Виконано порівняльну оцінку м'ясних порід голубів Кінг, Тексан, Римський, Угорський велетень, Штрассер за такими показниками, як маса птаха, маса яйця, маса голуб'ят, маса тушки. Установлено, що найбільш продуктивними виявились породи Кінг та Тексан