

nej selekcji, wzrostu zimbredowania, a także postępującego dryftu genetycznego. Dlatego zastosowano również ochronę metodą *ex situ*, tj. poprzez zachowanie materiału genetycznego. Metoda ta jest obecnie uważana za bardzo ważne narzędzie zapobiegające nieodwracalnej utracie ras, a jednocześnie ma wielokierunkowy charakter. Służy do odtwarzania rasy, ochrony zasobów genetycznych przed zagrożeniami sanitarnymi, wspierania hodowli ras występujących w małych populacjach i zachowania zmienności genetycznej w programach selekcji. Ochrona *ex situ* jest przeprowadzana z reguły jako kriokonserwacja zarodków i nasienia [4]. Taki też kierunek działań podjęli członkowie Grupy roboczej ds. ochrony zasobów genetycznych świń, działającej przy Instytucie Zootechniki. Opracowano podstawowe założenia do typowania zwierząt na dawców materiału biologicznego [5], który zostanie złożony w Krajowym Banku Materiału Biologicznego, utworzonym w Instytucie Zootechniki PIB w Balicach k. Krakowa.

*Referat plenarny – XVII Warsztaty Zootechniczne w Warszawie

Literatura: 1. Babicz M., Bajda Z., Blicharski T., Szyndler-Nęcza M., 2010 – Przegł. Hod. 3, 20-23. 2. Babicz M., Kamyk K., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska M., Stasiak A., Lechowski J., 2010 – Med. Weter. 66 (8), 555-558. 3. Ekspertyza „Założenia do pakietów dotyczących ochrony zasobów genetycznych zwierząt do programu rolnośrodowiskowo-klimatycznego w ramach PROW na lata 2014-2020 z uwzględnieniem stawek płatności/wysokości płatności”. Praca zbiorowa IZ-PIB, 2012. 4. Hiemstra S.J. (red.) – Wytyczne dotyczące tworzenia narodowych programów kriokonserwacji dla zwierząt hodowlanych. Tłumaczenie IZ-PIB, Balice 2007. 5. Różycki M., Szyndler-Nęcza M., Buczyński J., Babicz M., 2012 – Creation of a population of native breed pigs for implementation of an *ex situ* conservation programme. International Scientific Conference “Presence and future of animal science”, Kraków, June 21-22, 2012. 6. Szulc K., Buczyński J.T., 2012 – Stare europejskie rasy świń. WWRP Poznań. 7. Szyndler-Nęcza M., Buczyński J., Szulc K., Luciński P., 2011 – Realizacja programu ochrony zasobów genetycznych świń ras złotnickich. Monografia pt. „Świnie – Realizacja ochrony zasobów genetycznych”. Wyd. IZ-PIB. 8. Szyndler-Nęcza M., 2006 – Wiadomości Zootechniczne 4, 9-14. 9. Szyndler-Nęcza M., Blicharski T., Babicz M., 2011 – Realizacja programu ochrony zasobów genetycznych świń rasy puławskiej. Monografia pt. „Świnie – Realizacja ochrony zasobów genetycznych”. Wyd. IZ-PIB.

Markery genetyczne a użytkowość rozplodowa świń*

Aurelia Mucha¹, Katarzyna Ropka-Molik¹,
Daniel Polasik², Arkadiusz Terman²

¹Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie

²Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Użytkowość rozplodowa loch jest jednym z głównych czynników determinujących opłacalność tuczu, w zasadniczy bowiem sposób rzutuje na koszty, jakie muszą być poniesione na produkcję jednego tucznika. W zależności od liczby prosiąt w miocie, a w konsekwencji od liczby tuczników otrzymanych od lochy w roku, koszty stałe związane z utrzymaniem stada loch stanowią różny udział w całkowitych kosztach produkcji tucznika. Z tych powodów oczywistym jest fakt, że doskonalenie użytkowości rozplodowej loch stanowi zasadniczy element uwzględniany zarówno w programach hodowlanych, jak też produkcyjnych, mimo że cechy te są nisko odziedziczalne [24]. Jednak doskonalenie użytkowości rozplodowej loch, obserwowane od wielu lat, nie przynosi oczekiwanych rezultatów. Co prawda w niektórych aspektach tego kierunku hodowlanego zauważono nieznaczną poprawę – mniejszą śmiertelność prosiąt w czasie odchowu i wyższą masę miotu przy odsadzeniu, jednak w głównej mierze jest to efektem poprawy warunków środowiskowych.

Dynamiczny rozwój metod genetyki molekularnej umożliwił poznanie lokalizacji, struktury oraz funkcjonowania genów odpowiedzialnych za kształtowanie cech ilościowych. Wykorzystując metodę łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR) do analizy polimorfizmu genu uznanego za „gen kandydat”, którego produkty uczestniczą w procesach fizjologicznych warunkujących daną cechę ilościową, możliwe stało się szybkie doskonalenie cech istotnych z ekonomicznego punktu widzenia, jakimi są cechy rozrodcze.

W wielu ośrodkach naukowych w kraju i na świecie prowadzi się badania związane z poszukiwaniem wpływu polimorfizmu genów na cechy użytkowości rozplodowej i związane z odchowem prosiąt. Również w Instytucie Zootechniki Państwowym Instytucie Badawczym oraz w Zachodniopomorskim Uniwersytecie Technologicznym analizowane są podobne zagadnienia.

Przy poszukiwaniu genów mających wpływ na cechy związane z rozrodem zwrócono między innymi uwagę na gen kodujący białko wiążące retinol 4 (RBP4). Retinol, obok retinalu i kwasu reti-

nolowego, zaliczany jest do witamin grupy A. Witamina ta w organizmie związana jest z procesami rozmnażania i wzrostu, różnicowania tkanki nabłonkowej i kostnej, podtrzymania statusu immunologicznego i funkcji wzroku. Retinol, zwłaszcza pod koniec ciąży, gromadzi się w wątrobie płodu jako trans-retinol [4]. Badania dotyczące wpływu polimorfizmu genu *RBP4* na cechy rozplodowe prowadzono na loszkach i lochach rasy wbp, pbz oraz mieszańcach tych ras [15]. Najwyższą liczbę prosiąt wykazano w miocie I i III u loch o genotypie AA, a w miocie II u loch o genotypie BB. Stwierdzono jednak, że u loch z genotypem BB upadkowość prosiąt w trakcie odchowu była najniższa we wszystkich miotach. Lochy o tym genotypie rodziły również lżejsze prosięta w porównaniu do loch o genotypie AA i AB. Ponadto przeprowadzona analiza statystyczna wykazała istotność różnic ($P < 0,05$) w liczbie prosiąt w 7. dniu życia w II miocie pomiędzy grupami loch o genotypie AA i BB.

Osteopontyna (OPN) należy do cząsteczek macierzy zewnątrzkomórkowej w początkowym okresie implantacji u świń. Ekspresja tej kwaśnej glikoproteiny w nabłonku powierzchniowym rozpoczyna się od 12. dnia ciąży, następnie wzrasta i przez dalszy okres ciąży utrzymuje się na wysokim poziomie. Sugeruje się, iż osteopontyna, działając poprzez swoje receptory, wspomaga rozwój zarodka oraz uczestniczy w wymianie informacji pomiędzy macicą a zarodkiem [3, 10]. Materiał do badań nad wpływem genu *OPN* na cechy związane z rozrodem stanowiły lochy ras wielkiej białej polskiej i polskiej białej zwisłouchej [16]. Najwyższą liczbę prosiąt zarówno w dniu urodzenia, jak i 21. dniu życia wykazano w miocie I i III u loch o genotypie BB w genie *OPN*, a w miocie II u loch z genotypem AA. Ponadto lochy o genotypie BB we wszystkich trzech miotach urodziły prosięta o najwyższej masie ciała w porównaniu do loch o genotypie AA i AB. Przeprowadzona analiza statystyczna nie wykazała istotnych różnic w badanych cechach pomiędzy lochami o różnych genotypach.

Genami potencjalnie mogącymi mieć wpływ na wielkość miotu u świń są geny *EGF*, *AREG* i *LIF*, ich produkty odgrywają bowiem ważną rolę w procesach fizjologicznych. EGF (epidermal growth factor) należy do grupy tzw. peptydowych czynników wzrostu. Stymuluje namnażanie, różnicowanie i przeżywalność komórek. Promuje wzrost komórek nabłonkowych, śródbłonkowych i fibroblastów. Do rodziny EGF zalicza się TGF- α (transforming growth factor α), HB-EGF (heparin-binding epidermal growth factor), AREG (amphiregulin) oraz BTC (betacellulin). Substancje te odgrywają ważną rolę w rozwoju zarodka oraz na wczesnych etapach implantacji u różnych gatunków ssaków [6, 11, 12, 21, 25]. Również LIF (leukemia inhibitory factor) jest zaangażowany w procesach namnażania, różnicowania i przeżywalności komórek. Cytokina ta produkowana jest między innymi przez *endometrium*

i bierze udział w procesach implantacji, przygotowując środowisko macicy do przyjęcia blastocysty oraz uczestniczy w jej wzroście [9, 18, 19]. Badania nad wpływem ww. genów na cechy rozplodowe prowadzili Mucha i wsp. [14]. W przypadku genu *EGF* mioty pierwsze uzyskane od loch rasy wielkiej białej polskiej i polskiej białej zwisłouchy o genotypie BB różniły się statystycznie istotnie od analogicznych miotów pochodzących od loch o genotypie AA i AB pod względem liczby prosiąt urodzonych w miocie ($P < 0,01$) oraz liczby prosiąt w 21. dniu życia ($P < 0,05$ i $P < 0,01$). Dla genu *AREG* statystyczne różnice wykazano tylko pomiędzy genotypami A1A1 i A1A2 dla liczby prosiąt urodzonych ($P < 0,05$) w miotach od drugiego do czwartego. W miocie pierwszym oraz w miotach od piątego do ósmego, pomimo braku statystycznych różnic, lochy o genotypie A1A1 uzyskały więcej prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia od loch o genotypach A1A2 i A2A2. Lochy o genotypie AA w *locus* genu *LIF1* w porównaniu do loch o genotypie BB urodziły w pierwszym miocie oraz w miotach od drugiego do czwartego więcej prosiąt ($P < 0,01$). Stwierdzono również więcej prosiąt w 21. dniu życia u tych loch w miotach od drugiego do czwartego ($P < 0,05$). Dla genu *LIF3* tylko w pierwszym miocie liczba prosiąt urodzonych przez lochy o genotypie BB różniła się statystycznie w porównaniu z lochami o genotypie AA i AB ($P < 0,01$ i $P < 0,05$). W miotach od 2. do 4. oraz od 5. do 8. nie wykazano statystycznych różnic w liczbie prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia pomiędzy lochami o różnych genotypach genów *LIF1* i *LIF3*. Obserwowano jednak trend polegający na tym, że lepszymi parametrami cechowały się lochy o genotypie AA w *locus* genu *LIF1* oraz o genotypie BB genu *LIF3*. Przeprowadzone badania sugerują dodatni wpływ allelu A genu *LIF1* i allelu B genu *LIF3* na liczbę prosiąt w miocie. Natomiast w przypadku genów *EGF* i *AREG* uzyskane wyniki nie są jednoznaczne, ze względu na niską frekwencję alleli B i A2A2 tych genów.

Najnowsze badania obejmują geny homeotypyczne (*HoxA*) oraz *Wnt*, których produkty *HoxA* i *Wnt* są czynnikami kreującymi odpowiednie środowisko w macicy dla implantacji zarodka i ciąży [26]. U świń potwierdzono istnienie genów *WNT4a*, *Wnt5a* i *Wnt7a* w układzie rozrodczym. W *endometrium* podczas pierwszych dwóch tygodni życia można mówić o powstaniu osi regulacyjnej *HoxA/Wnt* [2]. W badaniach obejmujących rasę wielką białą polską i polską białą zwisłouchą w genie *HoxA11* zidentyfikowano trzy zmiany polimorficzne pojedynczego nukleotydu T/G, A/G i C/T w pozycjach 3746, 3786 i 3960, a w genie *Wnt7a* zmiany polimorficzne A/G w pozycjach 6270 i 36251 i delecję nukleotydu AT w pozycji 36220 [17]. Wstępna analiza wpływu polimorfizmu genu *HoxA11* na cechy rozplodowe wykazała, że najwyższymi wartościami pod względem cech rozplodowych charakteryzowały się lochy o genotypie AA (A3786G) i TT (T3746G). Najniższą wartość dla T3746G w większości przypadków stwierdzono dla genotypu GG (z wyjątkiem liczby prosiąt urodzonych w miotach 2-4), a dla A3786G dla genotypu AG (z wyjątkiem liczby prosiąt w 21. dniu w miotach 2-4). Analiza statystyczna wykazała istotne ($P \leq 0,05$) różnice jedynie pomiędzy genotypem AA (A3786G) a genotypami AG i GG w liczbie prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia w miocie 1. [13]. W przypadku genu *Wnt7a* największą liczbę prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia wykazano dla genotypu AA (A6270G i A36251), a najniższą dla genotypu AG.

Kolejnym genem uznanym jako „gen kandydat” dla cech użyteczności rozrodczej jest gen receptora estrogenu (*ESR*). Estrogeny są hormonami ściśle związanymi z reprodukcją. Ich synteza zachodzi głównie w jajnikach i jądrach [7]. Dowiedziono, że istniejący związek między produkcją estrogenu przez zarodek a działaniem receptora estrogenu w macicy odgrywa ważną rolę w określeniu losu każdego zarodka podczas ciąży [8]. Estrogeny produkowane przez zarodki sygnalizują macicy moment przygotowania do implantacji i kontrolują dalszy rozwój płodowy. Ze względu na udowodnione oddziaływanie estrogenu i jego receptora na reprodukcję trzody chlewnej, podjęto liczne badania nad potencjalnym wpływem genu receptora estrogenu na rozrodczość loch różnych ras [5]. W badaniach przeprowadzonych przez Termana i Kumalską [23] na lochach pochodzących z krzyżowania ras wielka biała polska i polska biała zwisłoucha wykazano, że osobniki o genotypie BB charakteryzowały się wyższą wartością wszystkich anali-

zowanych cech rozrodczych w porównaniu z osobnikami o genotypie AA oraz heterozygotami AB, a w pierwszym miocie różnice te zostały potwierdzone statystycznie ($P \leq 0,01$). W kolejnych miotach także notowano związek allelu B z wielkością miotu, jednak różnice były mniejsze i statystycznie nieistotne.

Ostatnim z analizowanych genów mających wpływ na użyteczność rozrodczą jest gen insulinopodobnego czynnika wzrostu 1 – *IGF1R* (insulin like growth factor receptor 1). Insulinopodobny czynnik wzrostu (IGF) należy do rodziny hormonów białkowych i jego główne działanie polega na regulacji wzrostu i różnicowaniu komórek [1, 27]. Wykrycie obecności IGF-I w macicy świń oraz jego receptorów (IGF1R) w embrionach [20] sugeruje, że może mieć on wpływ na poziom cech reprodukcyjnych tych zwierząt. Z dostępnych danych literaturowych wynika, iż istnieją tylko nieliczne źródła informacji dotyczące danych o polimorfizmach genów należących do rodziny IGF u świń. Jednak badania Termana [22] dotyczące analizy polimorfizmu typu SNP genu *IGF1R* w odniesieniu do cech związanych z użytecznością rozrodczą dowodzą, że najwyższą wartość ogólnej liczby prosiąt urodzonych, liczbę prosiąt żywo urodzonych oraz liczbę prosiąt odsadzonych posiadają osobniki o genotypie BB, w porównaniu ze świniami o genotypie AB oraz AA. Zależność ta utrzymywała się we wszystkich miotach wszystkich badanych ras zwierząt, co może wskazywać na możliwość włączenia badanego fragmentu genu jako potencjalnego markera selekcyjnego dla tych cech.

Nie wszystkie uzyskane wyniki wskazują jednoznacznie na wpływ polimorfizmu badanych genów na cechy związane z rozrodem. Należy również zaznaczyć, że rezultaty prac prowadzonych pod tym kątem przez innych badaczy na całym świecie nie zawsze są zbieżne, a w wielu przypadkach były nieliczne. Jednak niejednokrotnie uzyskane wyniki sugerują kontynuowanie podjętych badań na innych populacjach czy liniach świń.

*Referat plenarny – XVII Warsztaty Zootechniczne w Warszawie

Literatura: 1. Baker J., Liu J.P., Robertson E.J., Efstratiadis A., 1993 – Cell 75, 73-82. 2. Bartol F.F., 2008 – Mat. Savma symposium, Tuskegee University School of Veterinary Medicine, 21-22.03.2008, s. 1-7. 3. Blitek A., Kaczmarek M.M., Waclawik A., Kiewisz J., Kowalczyk A.E., Zięćik A.J., 2008 – Med. Weter. 64(6), 759-763. 4. Bohles H., 1997 – Int. J. Vitam. Nutr. Res. 67, 321-328. 5. Bradley J., Isler M.S., 2003 – An investigation of the associations between several candidate genes and reproductive traits in swine. The Ohio State Univ. 6. Cross J.C., Werb Z., Fisher S.J., 1994 – Science 266, 1508-1518. 7. Enmark E., Gustafsson J.A., 1999 – J. Inter. Med. 246, 133-138. 8. Geisert R.D., Zavy M.T., Moffat R.J., Blair R.M., Yellin T., 1990 – J. Reprod. Fertil. 27, 957-965. 9. Halberszadt A., Pająk J., Nowicki P., Jałocha I., Gabrys M.S., 2006 – Post. Hig. Med. Dośw. 60, 71-77. 10. Kaczmarek M.M., Blitek A., Kowalczyk A.E., Kiewisz J., Waclawik A., Zięćik A.J., 2008 – Med. Weter. 64(4B), 541-545. 11. Kennedy T.G., Brown K.D., Vaughan T.J., 1994 – Biol. Reprod. 50, 751-756. 12. Kim J.G., Vallet J.L., Christenson R.K., 2003 – Mol. Reprod. Dev. 65, 366-372. 13. Mucha A., Piórkowska K., Ropka-Molik K., 2013 – EAAP, Book of abstracts, Francja, Nantes, 26-30.08.2013, p. 395. 14. Mucha A., Ropka-Molik K., Piórkowska K., Tyra M., Oczkowiec M., 2013 – Anim. Reprod. Sci. 137(1-2), 88-92. 15. Mucha A., Tyra M., Piórkowska K., 2010 – EAAP, Book of abstracts, No. 16, Greece, Heraklion, 23-27.08.2010, p. 289. 16. Mucha A., Tyra M., Piórkowska K., 2010 – Wpływ polimorfizmu genu *OPN* na cechy związane z rozrodem świń. Mat. Zjazdu Naukowego PTZ, Olsztyn, 7-9.09.2010. 17. Piórkowska K., Mucha A., Ropka-Molik K., 2012 – VIth International Scientific Symposium, Bydgoszcz-Toruń, 20-22.09.2012, s. 89. 18. Rodriguez A., De Frutos C., Diez C., Caamano J.N., Facal N., Duque P., Garcia-Ochoa C., Gomez E., 2007 – Theriogenology 67, 1092-1095. 19. Senturk L.M., Arici A., 1998 – Am. J. Rep. Immun. 39(2), 144-51. 20. Simmen F.A., Simmen R.C.M., 1996 – J. Reprod. Fertil. 40, 279-292, 111-116. 21. Tamada H., Tsubutani D., Kawate N., Inaba T., Matsuyama S., Imakawa K., Sakai S., Christenson R.K., Sawada T., 2002 – Histochemical J. 34, 383-390. 22. Terman A., 2011 – Acta Agric. Scand., Sec. A - Animal Sci. 61(2), 67-71. 23. Terman A., Kumalska M., 2012 – Russian J. Genet. 48(12), 1260-1263. 24. Tyra M., Różycki M., 2000 – Zeszyty Nauk. Przeg. Hod. 48, 387-388. 25. Yue Z.P., Yang Z.M., Li S.J., Wang H.B., Harper M.J., 2000 – Mol. Reprod. Dev. 55, 164-174. 26. Waclawik A., Blitek A., Kaczmarek M.M., Kiewisz J., Zięćik A.J., 2009 – Soc. Reprod. Fertil., Suppl., 66, 307-320. 27. Werner H., Adamo M., Roberts C.T. Jr, LeRoith D., 1994 – Vitamins and Hormones 48, 1-58.