

## Charakterystyka cech rozrodczych loch ras pbz i wbp w zależności od genotypu *RYRI* i *ESR*

Maria Bogdzińska, Sławomir Mroczkowski

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy im. J.J. Śniadeckich,  
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt, Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt,  
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz; e-mail: bogdzinska@utp.edu.pl

Celem przeprowadzonych badań było określenie polimorfizmu w *locus RYRI* i *ESR*, a także określenie jego związku z cechami reprodukcyjnymi loch. Identyfikowano mutacje wykorzystując metodę PCR-RFLP. Materiał badawczy stanowiło 160 loch rasy pbz i 173 lochy rasy wbp, utrzymywane w stadach zarodowych regionu kujawsko-pomorskiego. W badanych grupach rasowych loch stwierdzono występowanie dwóch genotypów *RYRI<sup>CC</sup>* i *RYRI<sup>CT</sup>* oraz trzech genotypów w *locus ESR*, a mianowicie *ESR<sup>AA</sup>*, *ESR<sup>AB</sup>* oraz *ESR<sup>BB</sup>*. Lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* wykazywały krótsze cykle rozplodowe w porównaniu z pozostałymi grupami genotypowymi w obrębie grup rasowych. Większą liczbę urodzonych prosiąt w kolejnych czterech miotach otrzymano od loch rasy pbz o genotypie *ESR<sup>BB</sup>*, niezależnie od genotypu w *locus RYRI*. Natomiast wśród loch rasy wbp liczniejsze mioty obserwowano u loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>*. Na podstawie uzyskanych danych można ocenić, że wykorzystanie polimorfizmu badanych genów jest niewystarczające do oceny cech rozrodczych świń.

**SŁOWA KLUCZOWE:** polimorfizm / geny *RYRI* i *ESR* / świni rasy pbz i wbp / cechy rozplodowe

Negatywne oddziaływanie czynników stresowych na cechy użytkowości rozplodowej szczególnie uwidacznia się u zwierząt obciążonych mutacją C→T w *locus RYRI*, co może niekorzystnie wpływać na wielkość i masę miotu, liczbę odchowanych prosiąt oraz wiek pierwszego oproszenia [15]. Z kolei polimorfizm genu *ESR* wywiera wpływ na cechy rozplodowe świń, zwłaszcza liczbę urodzonych i odchowanych prosiąt [4].

Celem pracy była identyfikacja polimorfizmu w *locus RYRI* i *ESR* oraz określenie, czy obserwowany polimorfizm ma związek z wybranymi cechami użytkowości rozplodowej świń.

### Material i metody

Badaniem objęto 160 loch rasy pbz i 173 lochy rasy wbp, utrzymywane w stadach zarodowych regionu kujawsko-pomorskiego. Polimorfizm w *locus RYRI* i *ESR* określono wykorzystując metodę PCR-RFLP.

Polimorfizm genu *RYRI* określono amplifikując fragment DNA długości 134 pz, stosując startery według Breninga i Brema. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *HhaI*, a następnie rozdzielono w 3% żelu agarozowym, otrzymując fragmenty restrykcyjne: o długości 134 pz wyznaczał genotyp *RYRI<sup>TT</sup>*, 84 i 50 pz – genotyp *RYRI<sup>CC</sup>* oraz 134, 84 i 50 pz – genotyp *RYRI<sup>CT</sup>* [5, 6].

Polimorfizm genu *ESR* – po amplifikowaniu fragmentu 120 pz, produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *PvuII*, a następnie rozdzielono w 4% żelu agarozowym, otrzymując fragmenty restrykcyjne o długości 120 pz – genotyp *ESR<sup>AA</sup>*, 65 i 55 pz – genotyp *ESR<sup>BB</sup>* oraz 120, 65 i 55 pz – genotyp *ESR<sup>AB</sup>* [7].

Długość fragmentów restrykcyjnych identyfikowano na podstawie markera długości DNA pUC19/*MspI* [6, 7].

Określono częstości występowania genotypów i alleli dla badanych miejsc restrykcyjnych oraz ustalono równowagę genetyczną dla badanej grupy loch, zgodnie z regułą Hardy’ego-Weinberga [3, 12]. Obliczono współczynnik heterozygotyczności oraz wielkość dystansu genetycznego między grupami rasowymi dla badanych miejsc restrykcyjnych [1, 3].

Uwzględniając jednocześnie genotyp loch w *locus RYRI* i *ESR*, analizowano w czterech kolejnych miotach liczbę żywo urodzonych prosiąt i odchowanych do wieku 21 dni, wiek pierwszego oproszenia oraz czas trwania cykli rozrodczych. Dane liczbowe opracowano statystycznie, wykorzystując dwuczynnikową analizę wariancji w programie SAS (średnie obliczono metodą najmniejszych kwadratów – LSM, istotność różnic między porównywanymi grupami loch weryfikowano testem Scheffego na poziomach istotności  $P \leq 0,05$  i  $P \leq 0,01$ ) [13].

## Wyniki i dyskusja

W badanych grupach loch ras pbz i wbp stwierdzono występowanie dwóch genotypów *RYRI<sup>CC</sup>* i *RYRI<sup>CT</sup>*. W obu grupach rasowych obserwowano występowanie loch o trzech różnych genotypach w *locus ESR*: *ESR<sup>AA</sup>*, *ESR<sup>AB</sup>*, *ESR<sup>BB</sup>* (tab. 1).

Częstość występowania poszczególnych genotypów w *locus RYRI* była różna w grupie loch rasy pbz i wbp. Obserwowane frekwencje genotypów różniły się od oczekiwanych, co wskazuje na brak równowagi genetycznej w badanej grupie loch rasy pbz. Obserwowany rozkład genotypów w grupie loch rasy wbp okazał się zgodny z regułą Hardy’ego-Weinberga (tab. 1). W obu grupach rasowych obserwowano częstość występowania genotypów w *locus ESR/PvuII* zgodną z prawem równowagi genetycznej (tab. 1).

Grupa loch rasy pbz charakteryzowała się większą zmiennością genetyczną w *locus RYRI* w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp, o czym świadczą oszacowane współczynniki heterozygotyczności. O stopniu genetycznej odrębności ras świadczy wielkość dystansu genetycznego, który oszacowany na podstawie frekwencji genotypów w *locus RYRI* w badanej grupie loch wynosi 0,1257 (tab. 2). Obliczony współczynnik heterozygotyczności dla *locus ESR/PvuII* okazał się wyższy w grupie loch rasy wbp, a oszacowany dystans genetyczny między grupami rasowymi wynosił 0,1497 (tab. 2).

Wyniki dotyczące cech rozrodczych loch, z uwzględnieniem ich genotypu w *locus RYRI*, zamieszczono w tabeli 3.

**Tabela 1 – Table 1**  
 Frekwencja genów i genotypów w badanych grupach loch ras polskiej białej zwiślouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)  
 Gene and genotype frequencies in the analyzed groups of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows

Gen Gene	Rasa pbz – PL breed (n=160)				Rasa wbp – PLW breed (n=173)			
	n	frekwencja obszerwana frequency	frekwencja oczekiwana expected frequency	$\chi^2$	n	frekwencja obszerwana frequency	frekwencja oczekiwana expected frequency	$\chi^2$
<i>RYR1/</i>								
<i>HhaI</i>								
genotyp	92	0,5750	0,6202		161	0,9306	0,9318	
CT	68	0,4250	0,3347	7,29	12	0,0694	0,0670	0,13
TT	0	0,0000	0,0452		0	0,0000	0,0012	
allele								
C		0,7875				0,9653		
T		0,2125				0,0347		
<i>ESR/</i>								
<i>PvuII</i>								
genotyp	27	0,1688	0,2054		71	0,4104	0,4420	
AB	91	0,5688	0,4957	2,18	88	0,5087	0,4457	2,00
BB	42	0,2625	0,2991		14	0,0809	0,1124	
allele								
A		0,4532				0,6648		
B		0,5469				0,3352		

$\chi^2$  tab.  $P \leq 0,05$  wartość 5,99;  $P \leq 0,01$  wartość 9,21

$\chi^2$  Tab.  $P \leq 0,05$  value 5,99;  $P \leq 0,01$  value 9,21

**Tabela 2 – Table 2**

Współczynniki heterozygotyczności dla poszczególnych *loci* w badanych grupach rasowych loch oraz oszacowany dystans genetyczny

Heterozygosity indices for particular sows in the examined breed groups, and the estimated genetic distance

Gen Gene	Współczynniki heterozygotyczności Heterozygosity indices		Dystans genetyczny Genetic distance
	rasa pbz PL breed (n=160)	rasa wbp PLW breed (n=173)	
<i>RYR1/HhaI</i>	0,4277	0,0698	0,1257
<i>ESR/PvuII</i>	0,7398	0,9218	0,1497

Lochy rasy wbp o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>* były najstarsze w chwili pierwszego oproszenia w stosunku do pozostałych badanych grup genotypowych loch. Najdłuższymi cyklami rozplodowymi charakteryzowały się lochy rasy pbz o genotypie *RYR1<sup>CT</sup>* względem pozostałych loch. Natomiast najkrótsze cykle rozplodowe obserwowano u loch rasy wbp o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>*. Spostrzeżenia te dotyczą wszystkich analizowanych okresów rozplodowych (tab. 3).

Lochy rasy pbz więcej rodziły i odchowywały prosiąt do 21. dnia życia w czterech kolejnych miotach, w porównaniu z lochami rasy wbp niezależnie od genotypu w *locus RYR1*. Wśród loch rasy pbz więcej prosiąt w I, III i IV miocie rodziły lochy o genotypie *RYR1<sup>CT</sup>*. Natomiast lochy o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>* urodziły i odchowały więcej prosiąt w II miocie w stosunku do loch o genotypie *RYR1<sup>CT</sup>*. Z kolei lochy rasy wbp o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>* urodziły w I i III miocie, a odchowały w I i II miocie więcej prosiąt niż lochy o genotypie *RYR1<sup>CT</sup>*. Obserwowane różnice w liczbie prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia okazały się nieistotne statystycznie pomiędzy grupami loch o genotypach *RYR1<sup>CC</sup>* i *RYR1<sup>CT</sup>* w obrębie badanych grup rasowych (tab. 3).

Lochy rasy pbz o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>* urodziły istotnie ( $P \leq 0,05$ ) więcej prosiąt (11,46) w stosunku do loch o tym samym genotypie rasy wbp (10,99). Także lochy o genotypie *RYR1<sup>CT</sup>* należące do różnych ras różniły się istotnie ( $P \leq 0,05$ ) pod względem liczby urodzonych prosiąt w pierwszym miocie (11,63 szt. – lochy rasy pbz, 10,50 szt. – lochy rasy wbp). W drugim miocie różnice w liczbie urodzonych prosiąt okazały się istotne ( $P \leq 0,01$ ) pomiędzy lochami badanych ras o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>* (tab. 3).

Opublikowane dotychczas wyniki prac dotyczących wpływu genotypu w *locus RYR1* na cechy rozrodcze świń nie są jednoznaczne. Stwierdzono, że w przypadku ras wielka biała polska i polska biała zwisłoucha mutacja C→T w genie *RYR1* wpływa na liczbę prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia, przy braku związku z masą miotu, wiekiem lochy przy oproszeniu oraz czasem trwania ciąży [15]. Uzyskane z literatury dane wskazują na niekorzystny wpływ tej mutacji na wartość cech reprodukcyjnych [2, 6, 9, 10, 14]. Niekorzystne oddziaływanie mutacji stwarza konieczność prowadzenia kontroli genetycznej i eliminacji osobników obciążonych mutacją z populacji przeznaczonych na materiał zarodowy.

W tabeli 4 podano wartości cech charakteryzujących rozród loch w zależności od rasy i genotypu w *locus ESR/PvuII*. W obu grupach rasowych obserwowano występowanie loch o trzech różnych genotypach: *ESR<sup>AA</sup>*, *ESR<sup>AB</sup>*, *ESR<sup>BB</sup>*.

**Tabela 3 – Table 3**

Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwisłouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu RYR1/Hhal i kolejności miotów

Reproduction traits' characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on RYR1/Hhal

Wyszczególnienie Specification		Miary statystyczne Statistical measures	Rasa pbz PL breed		Rasa wbp PLW breed	
			genotyp – genotype RYR1/Hhal			
			CC	CT	CC	CT
Liczebność – Numbers			92	68	161	12
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first farrowing (days)		LSM	343	343	354	332
		SE	4,16	4,84	6,15	11,52
I miot 1 <sup>st</sup> litter	liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	11,46 <sup>a</sup>	11,63A <sup>b</sup>	10,99 <sup>AA</sup>	10,50 <sup>b</sup>
		SE	0,13	0,15	0,10	0,37
liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21		LSM	10,76	10,66	10,54	10,25
		SE	0,11	0,13	0,09	0,32
Liczebność – Numbers			86	59	143	12
Okres międzymiotu 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (days)		LSM	179	186 <sup>a</sup>	172 <sup>a</sup>	172
		SE	3,54	4,28	2,75	9,49
II miot 2 <sup>nd</sup> litter	liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	12,27 <sup>A</sup>	12,20 <sup>B</sup>	11,48 <sup>AB</sup>	11,58
		SE	0,15	0,18	0,12	0,41
liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21		LSM	11,10	11,00	11,01	10,67
		SE	0,12	0,14	0,09	0,32
Liczebność – Numbers			73	49	115	12
Okres międzymiotu 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (days)		LSM	180	189 <sup>A</sup>	168 <sup>A</sup>	165
		SE	4,09	5,00	3,26	10,10
III miot 3 <sup>rd</sup> litter	liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	12,37	12,86 <sup>A</sup>	11,93 <sup>A</sup>	11,92
		SE	0,19	0,24	0,16	0,48
liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21		LSM	11,38	11,43	11,04	11,17
		SE	0,15	0,18	0,12	0,37
Liczebność – Numbers			56	43	92	8
Okres międzymiotu 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (days)		LSM	181	188	168	178
		SE	5,39	6,15	4,20	14,25
IV miot 4 <sup>th</sup> litter	liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	12,50	12,93 <sup>A</sup>	11,76 <sup>A</sup>	12,00
		SE	0,23	0,26	0,18	0,59
liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21		LSM	11,38	11,16	10,88	10,88
		SE	0,17	0,19	0,13	0,45

AA – średnie oznaczone tymi samymi dużymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,01$  – the means marked with the same capital letters differ significantly at  $P \leq 0,01$

aa – średnie oznaczone tymi samymi małymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,05$  – the means marked with the same small letters differ significantly at  $P \leq 0,05$

W badanej grupie loch rasy pbz najmniej liczną grupę stanowiły lochy o genotypie  $ESR^{AA}$ , a wśród loch rasy wbp –  $ESR^{BB}$ . W obu grupach rasowych loch najliczniej reprezentowany był genotyp  $ESR^{AB}$ .

Analizując wiek pierwszego oproszenia stwierdzono, że lochy o genotypie  $ESR^{BB}$  były najstarsze zarówno wśród loch rasy pbz, jak i wbp. Z kolei najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie  $ESR^{AB}$  rasy pbz i  $ESR^{AA}$  rasy wbp (tab. 4).

Różnice w liczbie urodzonych prosiąt w pierwszym miocie okazały się nieistotne statystycznie pomiędzy grupami genotypowymi loch w obrębie ras. Najliczniejsze mioty uży-

**Table 4 – Table 4**  
Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu ESR/PviiII i kolejności miotów

Wyszczególnienie Specification	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa pbz PL breed			Rasa wbp PLW breed		
		genotyp – genotype ESR/PviiII					
		AA	AB	BB	AA	AB	BB
Liczebność – Numbers		27	91	42	71	88	14
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first farrowing (days)	LSM SE	341 7,61	337 4,15	358 6,10	346 4,69	356 4,22	366 10,57
I liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM SE	11,04 0,24	11,52 <sup>a</sup> 0,13	11,88 <sup>abb</sup> 0,19	10,96 <sup>a</sup> 0,15	11,07 <sup>b</sup> 0,13	10,29 <sup>ba</sup> 0,34
I <sup>aa</sup> liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,59 0,21	10,82 0,11	10,57 0,17	10,52 0,13	10,60 0,12	10,07 0,29
Liczebność – Numbers		25	78	42	65	78	12
Okres międzymiotu 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	189 6,58	179 3,73	185 5,08	172 4,08	173 3,73	162 9,49
II liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM SE	12,12 0,29	12,18 <sup>a</sup> 0,16	12,43 <sup>a</sup> 0,22	11,62 0,18	11,33 <sup>ab</sup> 0,16	11,75 0,41
II <sup>aa</sup> liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,20 0,22	11,06 0,12	10,98 0,17	11,02 0,14	10,91 0,12	11,25 0,32
Liczebność – Numbers		24	62	36	56	62	9
Okres międzymiotu 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (days)	LSM SE	203 <sup>a</sup> 7,06	181 4,39	175 5,76	168 <sup>a</sup> 4,62	168 <sup>a</sup> 4,39	159 11,52
III liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM SE	12,21 0,34	12,27 0,21	13,31 <sup>a</sup> 0,27	12,21 0,22	11,69 <sup>a</sup> 0,21	11,77 0,55
III <sup>aa</sup> liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,54 0,26	11,27 0,16	11,55 0,21	11,16 0,17	11,02 0,16	10,67 0,43
Liczebność – Numbers		19	49	42	46	48	6
Okres międzymiotu 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (days)	LSM SE	212 <sup>a</sup> 9,01	178 5,62	176 7,06	169 <sup>a</sup> 5,79	170 <sup>a</sup> 5,67	156 16,05
IV liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM SE	12,68 0,39	12,55 0,24	12,93 <sup>a</sup> 0,31	11,98 0,25	11,54 <sup>a</sup> 0,25	12,17 0,69
IV <sup>aa</sup> liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,68 0,29	11,39 0,18	10,87 0,23	10,96 0,19	10,79 0,18	11,00 0,52

AA – średnie oznaczone tymi samymi dużymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,01$  – the means marked with the same capital letters differ significantly at  $P \leq 0,01$   
aa – średnie oznaczone tymi samymi małymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,05$  – the means marked with the same small letters differ significantly at  $P \leq 0,05$

skano od loch rasy pbz o genotypie *ESR<sup>BB</sup>* (11,88 prosiąt); wartość ta okazała się istotnie wyższa ( $P \leq 0,01$ ;  $P \leq 0,05$ ) w porównaniu z liczebnością pierwszego miotu loch rasy wbp wszystkich trzech badanych genotypów. Natomiast liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia przez lochy z poszczególnych grup genotypowych była zbliżona zarówno w obrębie rasy, jak i między rasami (tab. 4).

Od 1990 roku zaczęto prowadzić badania nad wpływem polimorfizmu *ESR/PvuII* na cechy reprodukcyjne świń należących do różnych ras. Stwierdzono korzystny wpływ genotypu *BB* na liczbę urodzonych prosiąt u ras wielkiej białej i landrace [cyt. 11], co skłoniło autorów do stwierdzenia, że gen *ESR* może być rozważany jako gen główny dla liczebności miotu. Analiza porównawcza między genotypami *AA* i *AB* wykazała istotne różnice w długości ciąży i masie miotu na korzyść loch o genotypie *AA* [8].

W tabeli 5. zamieszczono wartości cech rozrodczych loch, z uwzględnieniem ich genotypu w *locus* *RYRI* i *ESR*. Ze względu na liczebność grup genotypowych loch rasy wbp (*RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>AA</sup>* – 5 loch; *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>AB</sup>* – 6 loch i *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>BB</sup>* – 1 locha), nie uwzględniono ich dokonując charakterystyki cech rozrodczych.

W badanej grupie najliczniej reprezentowane były lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (50 loch rasy pbz i 82 rasy wbp) oraz *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (41 loch rasy pbz) – tabela 5.

Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *ESR<sup>AB</sup>*, zarówno w grupie loch mających genotyp *RYRI<sup>CC</sup>* (330 dni), jak i *RYRI<sup>CT</sup>* (338 dni). Stwierdzono, że lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* były istotnie młodsze w dniu pierwszego oproszenia od loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* ( $P \leq 0,01$ ). Lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* były najstarsze w dniu pierwszego oproszenia w porównaniu z lochami o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (różnice istotne statystycznie przy  $P \leq 0,05$ ) i *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (różnice istotne statystycznie przy  $P \leq 0,01$ ). Wśród loch rasy wbp najmłodsze w dniu pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (335 dni). Nie stwierdzono istotnych różnic w wieku pierwszego oproszenia u loch rasy wbp (tab. 5).

W badanej grupie loch rasy pbz najdłuższy okres między pierwszym a drugim oproszeniem stwierdzono u loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (199 dni), natomiast najkrótszy u loch o genotypie *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (171 dni). Z kolei lochy o genotypach *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* i *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>BB</sup>* wykazały tę samą długość okresu między pierwszym a drugim miotem.

Lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* wykazały istotnie statystycznie ( $P \leq 0,05$ ) krótszy okres między drugim a trzecim miotem w stosunku do loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>*. Natomiast najkrótszym okresem między miotami drugim a trzecim charakteryzowały się lochy o genotypie *RYRI<sup>CT</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (161 dni). Z kolei pomiędzy trzecim a czwartym oproszeniem odnotowano istotne statystycznie różnice w długości jego trwania u loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (206dni) i *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (164 dni) przy poziomie ufności 0,01 oraz między grupami loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (206dni) i *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (166 dni) przy poziomie 0,05. Lochy rasy pbz o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* charakteryzowały się także najkrótszymi cyklami rozplodowymi. Takiej zależności nie obserwowano wśród loch tej samej rasy o genotypie *RYRI<sup>CT</sup>* (tab. 5).

Analizując kolejne okresy rozplodowe u loch rasy wbp stwierdzono, że lochy o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* wykazywały je krótsze w porównaniu z dwoma pozostałymi grupami loch. Jednocześnie obserwowano największą zmienność wartości cechy w tej grupie loch. Mimo obserwowanych różnic nie stwierdzono ich istotności. Badana grupa loch rasy wbp

Tabela 5 – Table 5

Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwisłouchwej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *RYR1/Hha1* i *ESR/PvuII* Reproduction traits' characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *RYR1/Hha1* and *ESR/PvuII*

Wyszczególnienie Specification	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa pbz – PL breed												Rasa wbp – PLW breed															
		Genotypy – Genotype <i>RYR1/Hha1</i>						Genotypy – Genotype <i>ESR/PvuII</i>						Genotypy – Genotype <i>RYR1/Hha1</i>						Genotypy – Genotype <i>ESR/PvuII</i>									
		CC (n=92)						CT (n=68)						CC (n=161)						CT (n=68)									
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB				
Liczebność – Numbers		17	50	25	10	41	17	66	82	13	17	50	25	10	41	17	66	82	13	17	50	25	10	41	17	66	82	13	
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni)	LSM	331 <sup>a</sup>	330 <sup>a</sup>	359 <sup>ab</sup>	345	338	347	335	344	357	331 <sup>a</sup>	330 <sup>a</sup>	359 <sup>ab</sup>	345	338	347	335	344	357	331 <sup>a</sup>	330 <sup>a</sup>	359 <sup>ab</sup>	345	338	347	335	344	357	
Age at the first farrowing (days)	SE	9,12	6,41	7,54	14,87	11,38	13,80	10,25	10,72	15,60	9,12	6,41	7,54	14,87	11,38	13,80	10,25	10,72	15,60	9,12	6,41	7,54	14,87	11,38	13,80	10,25	10,72	15,60	
I liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	11,24	11,46	11,77	10,81	11,61	11,94	11,26	11,43 <sup>a</sup>	10,52 <sup>a</sup>	11,24	11,46	11,77	10,81	11,61	11,94	11,26	11,43 <sup>a</sup>	10,52 <sup>a</sup>	11,24	11,46	11,77	10,81	11,61	11,94	11,26	11,43 <sup>a</sup>	10,52 <sup>a</sup>	
1 <sup>st</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,40	0,28	0,33	0,62	0,58	0,65	0,26	0,26	0,38	0,40	0,28	0,33	0,62	0,58	0,65	0,26	0,26	0,38	0,40	0,28	0,33	0,62	0,58	0,65	0,26	0,26	0,38	
II liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21	LSM	10,73	10,93	10,65	10,58	10,79	10,54	10,71	10,84	10,22	10,73	10,93	10,65	10,58	10,79	10,54	10,71	10,84	10,22	10,73	10,93	10,65	10,58	10,79	10,54	10,71	10,84	10,22	
2 <sup>nd</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,31	0,22	0,26	0,50	0,38	0,47	0,26	0,27	0,39	0,31	0,22	0,26	0,50	0,38	0,47	0,26	0,27	0,39	0,31	0,22	0,26	0,50	0,38	0,47	0,26	0,27	0,39	
Liczebność – Numbers		17	44	25	8	34	17	60	72	11	17	44	25	8	34	17	60	72	11	17	44	25	8	34	17	60	72	11	
Okres międzymiotów 1-2 miot (dni)	LSM	199	179	190	171	186	190	175	176	172	199	179	190	171	186	190	175	176	172	199	179	190	171	186	190	175	176	172	
Inter-litter period – litters 1-2 (days)	SE	9,58	6,96	7,89	13,89	10,14	12,67	7,68	8,01	12,17	9,58	6,96	7,89	13,89	10,14	12,67	7,68	8,01	12,17	9,58	6,96	7,89	13,89	10,14	12,67	7,68	8,01	12,17	
III liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	11,80	11,94	12,56	12,30	11,81	11,37	11,86	11,56	12,31	11,80	11,94	12,56	12,30	11,81	11,37	11,86	11,56	12,31	11,80	11,94	12,56	12,30	11,81	11,37	11,86	11,56	12,31	
3 <sup>rd</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,42	0,30	0,34	0,74	0,54	0,65	0,29	0,31	0,47	0,42	0,30	0,34	0,74	0,54	0,65	0,29	0,31	0,47	0,42	0,30	0,34	0,74	0,54	0,65	0,29	0,31	0,47	
Liczebność – Numbers		17	36	19	7	26	16	51	56	8	17	36	19	7	26	16	51	56	8	17	36	19	7	26	16	51	56	8	
Okres międzymiotów 2-3 miot (dni)	LSM	211 <sup>a</sup>	183 <sup>a</sup>	184	194	182	161	173	173	163	211 <sup>a</sup>	183 <sup>a</sup>	184	194	182	161	173	173	163	211 <sup>a</sup>	183 <sup>a</sup>	184	194	182	161	173	173	163	
Inter-litter period – litters 2-3 (days)	SE	11,12	8,44	9,72	21,78	17,89	21,53	5,46	5,84	9,07	11,12	8,44	9,72	21,78	17,89	21,53	5,46	5,84	9,07	11,12	8,44	9,72	21,78	17,89	21,53	5,46	5,84	9,07	
IV liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	11,98 <sup>a</sup>	11,82	13,05 <sup>a</sup>	11,61	11,86	12,44	12,64	12,02	11,99	11,98 <sup>a</sup>	11,82	13,05 <sup>a</sup>	11,61	11,86	12,44	12,64	12,02	11,99	11,98 <sup>a</sup>	11,82	13,05 <sup>a</sup>	11,61	11,86	12,44	12,64	12,02	11,99	
4 <sup>th</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,42	0,32	0,37	0,94	0,68	0,82	0,38	0,41	0,67	0,42	0,32	0,37	0,94	0,68	0,82	0,38	0,41	0,67	0,42	0,32	0,37	0,94	0,68	0,82	0,38	0,41	0,67	
Liczebność – Numbers		12	27	15	6	22	15	43	44	5	12	27	15	6	22	15	43	44	5	12	27	15	6	22	15	43	44	5	
Okres międzymiotów 3-4 miot (dni)	LSM	206 <sup>ab</sup>	166 <sup>a</sup>	164 <sup>a</sup>	199	188	188	170	173	156	206 <sup>ab</sup>	166 <sup>a</sup>	164 <sup>a</sup>	199	188	188	170	173	156	206 <sup>ab</sup>	166 <sup>a</sup>	164 <sup>a</sup>	199	188	188	170	173	156	
Inter-litter period – litters 3-4 (days)	SE	14,09	11,28	12,27	24,58	17,22	20,72	9,39	9,62	17,23	14,09	11,28	12,27	24,58	17,22	20,72	9,39	9,62	17,23	14,09	11,28	12,27	24,58	17,22	20,72	9,39	9,62	17,23	
V liczba prosiąt żywo urodzonych number of piglets born alive	LSM	12,46	12,09	12,62	12,87	12,59	12,89	13,25	12,81	13,79	12,46	12,09	12,62	12,87	12,59	12,89	13,25	12,81	13,79	12,46	12,09	12,62	12,87	12,59	12,89	13,25	12,81	13,79	
5 <sup>th</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,68	0,54	0,59	0,82	0,57	0,69	0,39	0,40	0,72	0,68	0,54	0,59	0,82	0,57	0,69	0,39	0,40	0,72	0,68	0,54	0,59	0,82	0,57	0,69	0,39	0,40	0,72	
Liczebność – Numbers		11	63	11	11	11	11	11	11	11	11	63	11	11	11	11	11	11	11	11	11	63	11	11	11	11	11	11	11
VI liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia number of piglets reared until day 21	LSM	11,63	11,23	10,76	11,61	11,45	10,99	11,19	10,97	11,41	11,63	11,23	10,76	11,61	11,45	10,99	11,19	10,97	11,41	11,63	11,23	10,76	11,61	11,45	10,99	11,19	10,97	11,41	
6 <sup>th</sup> litter number of piglets reared until day 21	SE	0,56	0,43	0,49	0,58	0,41	0,49	0,31	0,32	0,57	0,56	0,43	0,49	0,58	0,41	0,49	0,31	0,32	0,57	0,56	0,43	0,49	0,58	0,41	0,49	0,31	0,32	0,57	

AA – średnie oznaczone tymi samymi dużymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,01$  – the means marked with the same capital letters differ significantly at  $P \leq 0,01$   
 aa – średnie oznaczone tymi samymi małymi literami różnią się od siebie istotnie przy  $P \leq 0,05$  – the means marked with the same small letters differ significantly at  $P \leq 0,05$



charakteryzowała się także krótszymi cyklami rozplodowymi między kolejnymi miotami, w porównaniu z lochami rasy pbz, niezależnie od genotypu *RYR1/ESR*.

Wśród loch rasy pbz najliczniejsze pierwsze mioty uzyskano od loch o genotypach *RYR1<sup>CT</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (11,94 prosiąt) i *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (11,77 prosiąt). Jednocześnie stwierdzono, że lochy te w porównaniu z pozostałymi analizowanymi grupami genetycznymi odchowywały najmniej prosiąt do 21. dnia życia. Obserwowane różnice w ilości urodzonych i odchowanych prosiąt okazały się nieistotne statystycznie. Z kolei w grupie loch rasy wbp stwierdzono istotnie niższą ( $P \leq 0,05$ ) liczebność prosiąt urodzonych w pierwszym miocie przez lochy o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (10,52 prosięcia) w stosunku do loch o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (11,43 prosięcia) (tab. 5).

W drugim miocie najwięcej żywo urodzonych prosiąt obserwowano u loch rasy pbz o genotypach *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (12,56 prosiąt) i *RYR1<sup>CT</sup>/ESR<sup>AB</sup>* (12,30 prosiąt) w porównaniu z pozostałymi analizowanymi grupami genotypowymi. Również wśród loch rasy wbp najliczniejsze drugie mioty otrzymano od loch o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (12,31 prosiąt). Jednak obserwowane różnice pomiędzy grupami genotypowymi okazały się nieistotne statystycznie (tab. 5).

W trzecim miocie najwięcej prosiąt urodziły lochy rasy pbz o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (13,05 prosiąt) oraz *RYR1<sup>CT</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (12,44 prosiąt). Jednak istotnie statystycznie ( $P \leq 0,01$ ) różnice odnotowano tylko między liczebnością miotów loch o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>BB</sup>* (13,05 prosiąt) a *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (11,98 prosiąt). Z kolei w badanej grupie loch rasy wbp najliczniejsze trzecie mioty obserwowano u loch o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* (12,64 prosiąt) (tab. 5).

Podobne zależności pomiędzy liczbą urodzonych prosiąt a genotypem lochy obserwowano w odniesieniu do czwartego miotu, zarówno w grupie loch rasy pbz, jak i wbp.

Podsumowując można stwierdzić, że badana grupa loch rasy wbp charakteryzowała się krótszymi cyklami rozplodowymi między kolejnymi miotami w porównaniu z lochami rasy pbz, niezależnie od genotypu *RYR1/ESR*. Analizując liczbę prosiąt urodzonych w kolejnych czterech miotach przez lochy rasy pbz wykazano, że niezależnie od genotypu loch w *locus RYR1* najwięcej prosiąt rodziły lochy o genotypie *ESR<sup>BB</sup>*. Natomiast w badanej grupie loch rasy wbp liczniejsze mioty otrzymano od loch o genotypie *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>*.

Otrzymane wyniki sugerują konieczność uwzględniania jednocześnie większej liczby genów mających związek z cechami rozrodczymi loch.

## PIŚMIENNICTWO

1. AVISE J.C., 2008 – Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego, Warszawa.
2. BOGDZIŃSKA M., 2004 – Effect of the *RYR1* gene polymorphism on selected reproductive traits of Polish Large White and Polish Landrace sows. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 22, 13-17.
3. CHARON K.M., ŚWITOŃSKI M., 2005 – Genetyka zwierząt. PWN, Warszawa
4. DRÖGEMÜLLER C., HAMANN H., DISTL O., 2001 – Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J. Anim. Sci.* 79, 2565-2570.
5. FUJII J., OTSU K., ZORZATO F., LEON S., KHANNA V., WEILER J.E., O BRIEN P.J., MACLENNAN D.H., 1991 – Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science* 253, 448-45.

6. KMIEĆ M., DWOŃĄK J., VRTKOVÁ I., 2000 – Relations between the polymorphism in the ryanodine receptor gene (*RYR1*) and certain reproductive traits of sows in a herd of Polish Landrace pigs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 18(4), 277-283.
7. KMIEĆ M., DWOŃĄK J., VRTKOVÁ I., 2002 – Study on a relation between estrogen receptor (*ESR*) gene polymorphism and some pig reproduction performance characters in Polish Landrace breed. *Czech. J. Anim. Sci.* 47(5), 189-193.
8. KURYŁ J., 1999 – Geny kształtujące cechy produkcyjne świń i możliwości wykorzystania ich w praktyce hodowlanej. Mat. Konf. Nauk., Balice, 16-20.
9. MATOUŠEK V., KERNEROVÁ N., VRTKOVÁ I., KRÁLOVÁ P., 2002 – The influence of *RYR1* and *ESR* genotypes on fertility. *Ann. Anim. Sci.*, Suppl. 2, 57- 61.
10. QIONG L.G., TONG D.J., PING J.X., MU Z., 2002 – Effects of *RYR1* gene on reproductive traits of Large White sow. *Chinese Journal of Veterinary Science* 22(4), 392-394.
11. ROTHSCHILD M.F., PLASTOW G.S., 2003 – Development of a genetic marker for litter size in the pig: a case study. *J. Anim. Breed and Genetic* 120(3), 179-196.
12. RUSZCZYC Z., 1981 – Metodyka doświadczeń zootechnicznych. PWRiL, Warszawa
13. SAS Institute Inc. 2008 – SAS/STAT User's guide, Version 9.2, Cary, NC, SAS Institute Inc.
14. STALDER K.J., CHRISTIAN L.L., ROTHSCHILD M.F., LIN E.C., 1997 – Maternal performance differences between porcine stress syndrome-normal and – carrier Landrace females. *J. Anim. Sci.* 75, 3114-3118.
15. SZCZEPANKIEWICZ D., LECHNIAK D., 2005 – Gen receptora rianodiny (*RYR1*) – polimorfizm i związek z rozrodem świni domowej. *Med. Weter.* 61(3), 262-265.

Maria Bogdzińska, Sławomir Mroczkowski

## The characteristics of reproductive traits in sows of PL and PLW breed in respect of *RYR1* and *ESR* genotypes

### Summary

The aim of the research was to determine the polymorphism in *RYR1* and *ESR* loci, as well as their relationship with reproduction traits in sows. The genetic research was conducted using the PCR-RFLP method. The research material was constituted by 160 PL sows and 173 PLW sows managed within the nucleus herds of the *Kujawsko-pomorskie* province. In the examined breed groups of sows, we found two *RYR1<sup>CC</sup>* and *RYR1<sup>CT</sup>* genotypes, as well as three genotypes in the *ESR* locus, namely *ESR<sup>AA</sup>*, *ESR<sup>AB</sup>* and *ESR<sup>BB</sup>*. Sows with the *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AB</sup>* genotype had shorter reproduction cycles as compared to the other genotype groups within a given breed group; while a higher number of piglets born in four subsequent litters was obtained from the PL sows with the *ESR<sup>BB</sup>* genotype, regardless of the genotype in the *RYR1* locus. Among the PLW sows, more numerous litters were observed in the sows with the *RYR1<sup>CC</sup>/ESR<sup>AA</sup>* genotype. Genetic determinants of reproduction traits in pigs, in light of the research, suggest simultaneous consideration of a higher number of genes which determine them.

**KEY WORDS:** polymorphism / *RYR1* and *ESR* genes / PL and PLW pigs / reproduction traits