

---

ANNALES  
UNIVERSITATIS MARIAE CURIE-SKŁODOWSKA  
LUBLIN – POLONIA

VOL. XXIII, 13

SECTIO EE

2005

---

Katedra Hodowli i Technologii Produkcji Trzody Chlewnej  
Wydziału Biologii i Hodowli Zwierząt Akademii Rolniczej w Lublinie  
Zakład Immunogenetyki Zwierząt  
Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt Polskiej Akademii Nauk w Jastrzębcu

MAREK BABICZ, ALEKSANDER WALKIEWICZ,  
JOLANTA KURYŁ, MAŁGORZATA SAŁYGA, ANNA MAZUR

*Wpływ oddziaływania polimorficznego locus GH na wartość  
cech użytkowości rozplodowej loch*

---

Influence of the Polymorphic Interaction of GH Locus on Value of Sows'  
Reproduction Performance

---

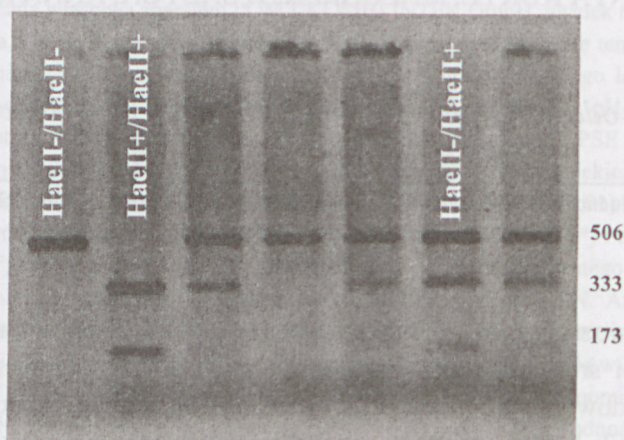
Wartość rozrodcza loch uwarunkowana jest szeregiem czynników natury genetycznej i środowiskowej. Przy stosunkowo dobrze rozpoznanych ograniczeniach środowiska produkcyjnego ważne jest określenie, nowoczesnymi metodami technik laboratoryjnych, genetycznego podłoża użytkowości rozplodowej. Stąd od szeregu lat wykonywane są prace związane z mapowaniem genomu świni, określone jako projekt PigMap [5]. Prowadzone w jego obrębie działania pozwoliły na odkrycie dużej liczby potencjalnych markerów genetycznych, wśród nich również genów kandydujących. Wybór markera genetycznego jako genu kandydującego jest podyktowany rolą, jaką odgrywa w procesach rozrodu warunkowany przez niego produkt. Przykładem są czynniki wzrostowe, które oprócz istotnego udziału w procesach rozwoju organizmu oddziałują na rozwój i funkcjonowanie ciała żółtego oraz wykazują działanie stymulujące na wzrost komórek ziarnistych pęcherzyka jajnikowego. Pierwsze prace [3], mające na celu wyjaśnienie zależności pomiędzy cechami rozrodu a ekspresją czynników wzrostowych, wskazują na istnienie takich związków.

Celem przeprowadzonych badań była ocena wyników rozrodu loch o różnych genotypach w odniesieniu do polimorfizmu genu hormonu wzrostu.

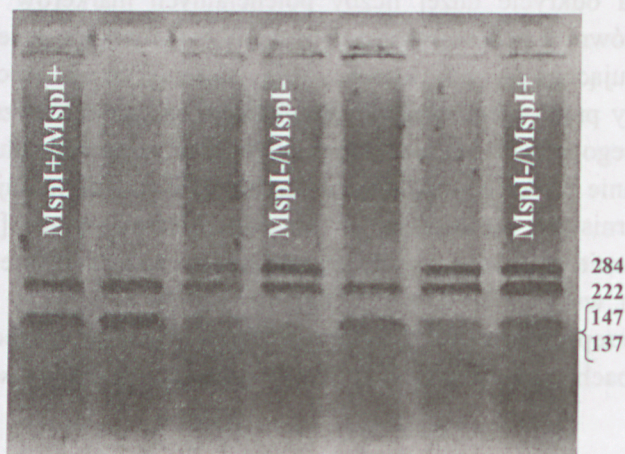


## MATERIAŁ I METODY

W ocenie uwzględniono 60 loch rasy puławskiej, pochodzących ze stad objętych programem hodowli zachowawczej. Warunki utrzymania i żywienia zwierząt w poszczególnych gospodarstwach były zbliżone, z zachowaniem standardów hodowlanych. Materiał do badań stanowiły próby krwi pobrane od każdej lochy z żyły czczej przedniej do probówek z EDTA jako antykoagulant. Izolację DNA z leukocytów krwi przeprowadzono według metodyki podanej przez Kawasaki (1990) w modyfikacji Coppietersa i wsp. (1992). Polimorfizm genu hormonu wzrostu (GH) został określony metodą PCR–RLFP z wykorzystaniem enzymów restrykcyjnych HaeII i MspI (Kirkpatrick i wsp., 1992). Uzyskany rozkład alleli (ryc. 1 i 2) został odniesiony do poszczególnych cech użytkowości rozplodowej loch, w tym: liczby sućków, liczby prosiąt urodzonych i odchowanych do 21 dnia życia, upadków prosiąt w okresie odchowu, wieku pierwszego oproszenia loch, długości okresu międzymiotu.



Ryc. 1. Polimorfizm w locus GH identyfikowany enzymem restrykcyjnym HaeII  
Polymorphism at GH locus identified using restriction enzyme HaeII



Ryc. 2. Polimorfizm w locus GH identyfikowany enzymem restrykcyjnym MspI  
Polymorphism at GH locus identified using restriction enzyme MspI



Analizę statystyczną wykonano przy użyciu programu SPSS/PC, wykorzystującego w swojej formule test Duncana.

### OMÓWIENIE WYNIKÓW

Świnie rasy puławskiej z uwagi na wysoką wartość cech użytkowości rozplodowej zaliczane są do grupy ras tworzących komponent mateczny [10]. Stąd celowe stają się badania oceny zależności pomiędzy ekspresją genu hormonu wzrostu a poziomem cech rozrodczych loch rasy puławskiej. Dotychczasowe próby określenia genetycznego podłoża wartości rozrodczej svin nie przyniosły jednoznacznych odpowiedzi. Jako geny o potencjalnym oddziaływaniu na rozrodczość loch wymienia się gen receptora ryanodiny RYR1, gen estrogenu ESR, gen prolaktyny PRL [4, 6, 7, 9]. W tej grupie wymienia się również czynniki wzrostowe, jak hormon wzrostu GH oraz insulinopodobne czynniki wzrostu IGF1 i IGF2 [2, 8].

Tab. 1. Poziom wskaźników wartości rozrodczej loch w odniesieniu do genotypów genu GH (HaeII)  
Level of sows' reproduction value indices in reference to genotypes of GH gene (HaeII)

| Genotyp                               | Liczba miotów |    | Liczba sutków (szt.) | Liczba prosiąt (szt.) |                    | Upadki (%)        | Wiek pierwszego oproszenia (dni) | Okres międzymiotu (dni) |
|---------------------------------------|---------------|----|----------------------|-----------------------|--------------------|-------------------|----------------------------------|-------------------------|
|                                       | x             | SD |                      | urodzonych            | odchowanych        |                   |                                  |                         |
| HaeII <sup>-</sup> HaeII <sup>-</sup> | 35            | x  | 14,54                | 11,38                 | 10,81 <sup>a</sup> | 8,13              | 343,4                            | 191,8                   |
|                                       |               | SD | 0,70                 | 1,70                  | 1,25               | 3,11              | 35,8                             | 11,5                    |
| HaeII <sup>-</sup> HaeII <sup>+</sup> | 75            | x  | 14,67                | 11,12                 | 10,27              | 9,91 <sup>a</sup> | 350,9                            | 196,4                   |
|                                       |               | SD | 0,77                 | 1,27                  | 0,96               | 4,55              | 43,2                             | 15,9                    |
| HaeII <sup>+</sup> HaeII <sup>+</sup> | 31            | x  | 14,67                | 10,29                 | 9,85 <sup>b</sup>  | 5,91 <sup>b</sup> | 363,7                            | 205,9                   |
|                                       |               | SD | 0,78                 | 1,62                  | 1,25               | 3,15              | 38,1                             | 28,5                    |
| Średnia                               | 141           | x  | 14,63                | 10,98                 | 10,31              | 8,56              | 352,1                            | 196,9                   |
|                                       |               | SD | 0,80                 | 1,52                  | 1,16               | 4,19              | 40,6                             | 17,5                    |

<sup>a,b</sup>  $P \leq 0,05$

Jedną z podstawowych cech wartości rozrodczej, uwzględnianych w pracy hodowlanej, jest liczba sutków. Z uwagi na wysoką odziedziczalność wskaźnik ten staje się istotny zarówno dla loch, jak i knurów. W badanych grupach genotypów loch wartość liczby sutków pozostawała na zbliżonym poziomie, charakterystycznym dla całego stada, wynoszącym 14,64 szt. (tab. 1 i 2). Liczba sutków świadczy pośrednio o potencjalnych możliwościach odchowania miotu o określonej liczebności. W przypadku liczby prosiąt w miocie w pierwszym dniu życia nie stwierdzono statystycznie istotnych zależności pomiędzy genotypem loch a ich płodnością. Stosunkowo wysoką liczebnością miotu 11,38 szt. cechowały się lochy o układzie alleli HaeII<sup>-</sup> HaeII<sup>-</sup> (tab. 1) oraz 11,22 szt. heterozygoty MspI<sup>-</sup> MspI<sup>+</sup> (tab. 2).



Tab. 2. Poziom wskaźników wartości rozrodczej loch w odniesieniu do genotypów genu GH (MspI)

Level of sows' reproduction value indices in reference to genotypes of GH gene (MspI)

| Genotyp                             | Liczba miotów |                       | Liczba<br>sutków<br>(szt.) | Liczba prosiąt (szt.)<br>urodzo-<br>nych |               | Upadki<br>(%) | Wiek<br>pierwszego<br>oproszenia<br>(dni) | Okres<br>międzymiotu<br>(dni) |
|-------------------------------------|---------------|-----------------------|----------------------------|------------------------------------------|---------------|---------------|-------------------------------------------|-------------------------------|
| MspI <sup>-</sup> MspI <sup>-</sup> | 17            | <i>x</i><br><i>SD</i> | 14,33<br>0,56              | 10,63<br>0,58                            | 9,87<br>0,76  | 5,74<br>0,60  | 362,0<br>19,0                             | 185,0 <sup>a</sup><br>8,5     |
| MspI <sup>-</sup> MspI <sup>+</sup> | 32            | <i>x</i><br><i>SD</i> | 14,55<br>0,83              | 11,22<br>1,40                            | 10,25<br>1,20 | 9,14<br>5,24  | 353,3<br>39,0                             | 187,7 <sup>a</sup><br>11,8    |
| MspI <sup>+</sup> MspI <sup>+</sup> | 92            | <i>x</i><br><i>SD</i> | 14,69<br>0,64              | 10,93<br>1,62                            | 10,38<br>1,19 | 8,72<br>3,82  | 350,8<br>43,1                             | 202,0 <sup>b</sup><br>19,8    |
| Średnia                             | 141           | <i>x</i><br><i>SD</i> | 14,63<br>0,80              | 10,98<br>1,52                            | 10,31<br>1,16 | 8,56<br>4,19  | 352,1<br>40,6                             | 196,9<br>18,5                 |

<sup>a,b</sup>  $P \leq 0,05$

Liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie w bezpośredni sposób określa jego liczebność w 21 dniu życia. Dla osiągnięcia wysokiej wartości tej cechy korzystny okazał się genotyp HaeII<sup>-</sup> HaeII<sup>-</sup>. Lochy z tej grupy odchowywały średnio 10,81 prosiąt w miocie. Wartość ta była o około jedną sztukę większa w porównaniu z wykazywaną przez homozygoty HaeII<sup>+</sup> HaeII<sup>+</sup> (tab. 1). Różnice okazały się statystycznie istotne.

Istotne oddziaływanie genotypu stwierdzono również w zakresie śmiertelności prosiąt w okresie do 21 dnia życia. Najwyższe upadki 9,91% zanotowano w miotach uzyskanych od loch heterozygotycznych HaeII<sup>-</sup> HaeII<sup>+</sup>, a najniższe – 5,91% w grupie loch o homozygotycznym układzie alleli HaeII<sup>+</sup> HaeII<sup>+</sup> (tab. 1).

W przypadku wieku pierwszego oproszenia loch uzyskane wartości nie były zależne od genotypu loch i kształtowały się na poziomie od 362,0 dni (MspI<sup>-</sup> MspI<sup>-</sup>) do 350,8 dni (MspI<sup>+</sup> MspI<sup>+</sup>) oraz od 363,7 dni (HaeII<sup>+</sup> HaeII<sup>+</sup>) do 343,4 dni (HaeII<sup>-</sup> HaeII<sup>-</sup>).

Kolejną ocenianą cechą była długość cyklu reprodukcyjnego. Istotną zależność stwierdzono dla polimorfizmu GH identyfikowanego restryktazą MspI. Najdłuższy okres międzymiotu 202,0 dni zanotowano u loch o genotypie MspI<sup>+</sup> MspI<sup>+</sup>, natomiast dla innych pozostawał na zbliżonym poziomie, nieprzekraczającym 190,0 dni (tab. 2).

## WNIOSKI

Analiza porównawcza wyników rozrodu loch i polimorfizmu genu hormonu wzrostu pozwoliła na zaobserwowanie istotnych zależności w takich cechach, jak:



- a) liczba prosiąt odchowanych w miocie do 21 dnia życia:  $HaeII^- HaeII^- = 10,81$  szt. oraz  $HaeII^+ HaeII^+ = 9,85$  szt.,  
 b) śmiertelność prosiąt w okresie odchowu:  $HaeII^- HaeII^- = 5,91\%$  oraz  $HaeII^+ HaeII^+ = 9,91\%$ ,  
 c) długość okresu międzymiotu  $MspI^- MspI^-$  i  $MspI^+ MspI^+ = 185,0$  i  $187,7$  dnia oraz  $MspI^- MspI^+ = 202,0$  dni.

Wartości pozostałych wskaźników rozrodu loch pozostawały na poziomie charakterystycznym dla rasy, niezależnie od stwierdzonego genotypu w locus GH.

## PIŚMIENNICTWO

1. Drogemüller C., Hamann H., Distl O.: Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J. Anim. Sci.*, 79, 2565–2570, 2001.
2. Ge Z., Nicholson W. E., Plotner D. M., Farin C. E., Gadsby J. E.: Insulin-like growth factor I receptor mRNA and protein expression in pig *corpora lutea*. *J. Reproduction and Fertility*, 120, 109–114, 2002.
3. Horak P., Míková G., Urban T., Putnova L., Knoll A., Dvorak J.: Association of polymorphism in the IGF2 gene with litter size in Black Pied Prestice pigs. *Czech J. Anim. Sci.*, 46(11), 505–508, 2001.
4. Korwin-Kossakowska A., Kurył J., Pierzchała M.: An analysis of relations between the polymorphism of estrogen receptor and some reproduction traits in Złotnicka Spotted x Polish Large White pigs. *Anim. Sci. Papers and Reports*, 17(4), 155–161, 1999.
5. Kurył J.: Geny cech ilościowych zwierząt gospodarskich – aktualny stan badań. *Prace i Materiały Zootechniczne*, 56, 7–50, 2000.
6. Kurył J., Wróblewski T.: Wpływ stresu na reprodukcję świń. *Przegl. Hod.*, 10, 25–27, 1991.
7. Rothschild M. F., Jacobson C., Vaske D. A., Tuggle C. K., Wang L., Short T. H., Eckardt G. R., Sasaki S., Vincent A. M., McLaren D. G., Southwood O. I., van der Steen H., Mileham A., Plastow G.: The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of National Academy of Science, USA*, 93, 201–205, 1996.
8. Schams D., Berisha B., Kosmann M., Einspanier R., Amselgruber W. M.: Possible role of growth hormone, IGFs and IGF-binding proteins in the regulation of ovarian function in large farm animals. *Domestic Animal Endocrinology*, 17, 279–285, 1999.
9. Vincent A. L., Evans G., Southwood O. I., Plastow G. S., Tuggle C. K., Rothschild M. F.: The prolactin receptor gene is associated with increased litter size in pigs. In: *Proceedings of the 6<sup>th</sup> World Congress of Genetics and Applied Livestock Production*. Armidale, Australia, 27, 15–18, 1998.
10. Walkiewicz A., Kamyk P., Stasiak A.: Charakterystyka użytkowości rozplodowej loch rasy puławskiej utrzymywanych na Lubelszczyźnie. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, z. 10, 91–95, 2000.



## SUMMARY

An attempt to explain the associations between levels of sows' reproduction performance indices and polymorphism of growth hormone gene identified using restriction enzymes MspI and HaeII was undertaken in the study. Statistical analysis was performed on the basis of rearing results of 141 litters achieved from 60 sows of particular genotypes. The results point out to the possibility to associate the growth hormone gene expression with reproduction results of sows from the studied population, particularly in reference to litter size on the 21<sup>st</sup> day of life, piglet falls during rearing and length of reproduction cycle.