

## UŻYTKOWOŚĆ TUCZNA, RZEŻNA I ROZPŁODOWA LOCH ZARODOWYCH RASY PBZ W ZALEŻNOŚCI OD GENOTYPU *RYR1*

Aurelia Mucha<sup>1</sup>, Marian Różycki<sup>1</sup>, Tadeusz Blicharski<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy, Dział Genetyki i Hodowli Zwierząt,  
32-083 Balice k. Krakowa

<sup>2</sup>Institut Genetyki i Hodowli Zwierząt Polskiej Akademii Nauk, Zakład Immunogenetyki Zwierząt,  
ul. Postępu 1, Jastrzębiec, 05-552 Wólka Kosowska

*Celem badań było oszacowanie frekwencji genotypów w locus *RYR1* oraz zbadanie wpływu poszczególnych genotypów na cechy tuczne, rzeźne i rozplodowe u loch rasy pbz pochodzących z krajowej hodowli zarodowej. Z 797 świń, które były oceniane przyżyciowo, wykazano 75,8% z genotypem NN, 23,2% z Nn i 1% z nn. Porównując zwierzęta o genotypach NN z Nn, stwierdzono lepsze parametry cech tucznych i rzeźnych u świń o genotypie NN. U 282 loch ocenianych rozplodowo, które dały 3 mioty, frekwencja genotypu NN wynosiła natomiast 74%, a Nn – 26%. Lochy o genotypie NN urodziły i odchowaly w dwóch pierwszych miotach więcej prosiąt w porównaniu do loch o genotypie Nn.*

Mutacja w genie *RYR1*, pozytywnie wpływająca na jakość tuszy jest jednocześnie odpowiedzialna za podatność świń na stres oraz występowanie wad jakości mięsa. W chwili obecnej coraz większy nacisk kładzie się na cechy związane z jakością mięsa, dlatego dąży się do wyeliminowania tej mutacji z hodowli zarodowej.

Ponadto, w wielu pracach wykazano negatywny wpływ genotypu *RYR1<sup>nn</sup>* na cechy związane z rozrodem, czyli liczbę prosiąt urodzonych i odchowanych w miocie (Kurył i Wróblewski, 1992; Nyström i Andersson, 1993; Omelka i in., 2006).

Celem badań było oszacowanie frekwencji genotypów w locus *RYR1* oraz zbadanie wpływu poszczególnych genotypów na cechy tuczne, rzeźne i rozplodowe loch rasy pbz pochodzących z populacji świń zarodowych.

### Material i metody

Material do badań stanowiły lochy pochodzące z hodowli zarodowej, które zostały poddane badaniom w kierunku podatności na stres. Ogółem analizą objęto 797 loch, które zostały ocenione przyżyciowo oraz 626 loch objętych oceną użytkowości rozplodowej. Aby móc przeanalizować statystycznie uzyskane wyniki z grupy loch z oceną rozplodową wybrano tylko te, które urodziły 3 kolejne mioty (282 szt.).

Krew do badania polimorfizmu genu *RYRI* przekazano do Instytutu Zootechniki przez PZHiPTCh POLSUS w okresie od lutego do czerwca 2007 r. Identyfikację genotypów przeprowadzono metodą PCR-RLFP, przy zastosowaniu enzymu restrykcyjnego CfoI. Obliczono frekwencję genotypów i alleli dla loch ocenianych przyżyciowo, wszystkich loch z oceną rozplodową i loch, które urodziły 3 mioty.

Analizę statystyczną uzyskanych wyników przeprowadzono testem Duncana za pomocą programu Statgraphics Plus 6.0.

## Wyniki

W tabeli 1 przedstawiono frekwencję genotypów i alleli w badanej populacji loch. U loch ocenianych przyżyciowo wykazano 75,8% zwierząt z genotypem *NN*, 23,2% z *Nn* i 1% z *nn*. Dla loch, u których prowadzona jest ocena rozplodowa, stwierdzono natomiast 77,8% sów z genotypem *NN*, 21,6% z *Nn* i 0,6% z *nn*. W tej grupie znajdowały się lochy z różną ilością urodzonych miotów, dlatego do dalszych obliczeń wytypowano świnię, które urodziły 3 mioty. Stwierdzono u nich 74,0% sów o genotypie *NN* i 26,0% o *Nn*.

Tabela 1. Frekwencja genotypów i alleli u loch ocenianych przyżyciowo i rozplodowo  
Table 1. Genotype and allele frequency in sows evaluated for live and reproductive traits

Lochy Sows	Genotypy (%) Genotypes (%)			Allele Alleles	
	<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>nn</i>	<i>N</i>	<i>n</i>
Oceniane przyżyciowo Live evaluated sows	75,8	23,2	1,0	0,874	0,126
Wszystkie z oceną rozplodową All reproductively evaluated sows	77,8	21,6	0,6	0,886	0,114
Oceniane rozplodowo, które urodziły 3 mioty Reproductively evaluated sows that gave birth to 3 litters	74,0	26,0	–	0,870	0,130

Tabela 2 przedstawia wyniki użytkowości tucznej i rzeźnej loch ocenianych przyżyciowo w zależności od genotypu *RYRI*. Metodyka tej oceny przewiduje standaryzację cech na wiek lub masę ciała (Eckert i Szyndler-Nędza, 2007; Eckert i Żak, 2007), dlatego w tabeli podano wartości standaryzowane. Najwyższe przyrosty (644,5 g), a co za tym idzie najwyższą masę ciała, wykazano u loch o genotypie *NN*, a najniższą u zwierząt heterozygotycznych (632 g). W cechach rzeźnych najlepszymi parametrami charakteryzowały się świnię o genotypie *nn*. Jednak, w związku z niewielką liczbą przebadanych zwierząt (8 szt.) nie wzięto ich pod uwagę w analizie statystycznej. W pozostałych grupach stwierdzono u sów cieńszą słoninę, grubszy mięsień najdłuższy grzbietu, a co za tym idzie, większą procentową zawartość mięsa w tuszy u loch o genotypie *NN*. Analiza statystyczna nie wykazała jednak istotnych różnic pomiędzy grupami o różnych genotypach w żadnej z cech.

Tabela 2. Użytkowość tuczna i rzeźna loch ocenianych przyżyciowo w zależności od genotypu RYRI  
 Table 2. Fattening and slaughter traits of live evaluated sows according to RYRI genotype

Wyszczególnienie Item		Genotyp Genotype		
		<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>nn</i>
Liczba zwierząt No. of animals	$\bar{x}$	604	185	8
Masa ciała (kg) Body weight (kg)	$\bar{x}$ SD	104,9 13,08	103,9 12,79	101,4 11,70
Przyrost dzienny standaryzowany na 180. dzień życia (g) Daily gain standardized for 180 days of age (g)	$\bar{x}$ SD	644,5 74,65	632,0 81,18	635,4 62,56
Grubość słoniny w P2 standary- zowana na 110 kg masy ciała (mm) Backfat thickness at P2 standard- ized for 110 kg body weight (mm)	$\bar{x}$ SD	11,34 2,08	11,60 2,23	10,69 1,49
Grubość słoniny w P4 standary- zowana na 110 kg masy ciała (mm) Backfat thickness at P4 standard- ized for 110 kg body weight (mm)	$\bar{x}$ SD	11,03 2,08	11,20 2,21	10,61 2,41
Grubość mięśnia w P4M stand- aryzowana na 110 kg masy ciała (mm) Muscle thickness at P4M standard- ized for 110 kg body weight (mm)	$\bar{x}$ SD	54,36 5,12	54,19 4,76	57,94 3,30
Procent mięsa standaryzowany na 180. dzień życia (%) Meat percentage standardized for 180 days of age (%)	$\bar{x}$ SD	56,84 2,76	56,65 2,69	58,08 1,74

Brak istotnych różnic pomiędzy genotypami.  
 No significant differences between genotypes.

Dane dotyczące użytkowości rozplodowej loch z 3 miotami przedstawiono w tabeli 3. W tej grupie zwierząt nie było świń o genotypie *nn*. W 1 i 2 miocie wykazano wyższą liczbę prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia u loch o genotypie *NN* (urodzonych odpowiednio o 0,11 i 0,23 prosięcia więcej oraz odchowanych odpowiednio o 0,06 i 0,23 prosięcia więcej). W miocie 3 lochy te urodziły natomiast średnio mniej liczne mioty (o 0,09 szt.), ale odchowały więcej prosiąt (o 0,10 szt.) w porównaniu z lochami heterozygotycznymi. Nie wykazano statystycznie istotnych różnic pomiędzy obiema grupami zwierząt.

Tabela 3. Użytkowość rozplodowa loch w zależności od genotypu *RYRI*  
 Table 3. Reproductive performance of sows according to *RYRI* genotype

Liczba loch No. of sows		Liczba prosiąt urodzonych No. of piglets born		Liczba prosiąt odchowanych No. of piglets reared	
		<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>NN</i>	<i>Nn</i>
		208	73	208	73
Miot I	$\bar{x}$	10,99	10,88	10,28	10,22
Litter I	SD	1,44	1,57	1,22	1,42
Miot II	$\bar{x}$	11,37	11,14	10,67	10,45
Litter II	SD	2,01	1,53	1,73	1,33
Miot III	$\bar{x}$	11,69	11,78	10,88	10,78
Litter III	SD	1,48	1,64	1,40	1,34

Brak istotnych różnic pomiędzy genotypami.  
 No significant differences between genotypes.

### Omówienie wyników

Jak wykazano w niniejszych badaniach, w analizowanej grupie loch rasy pbz ocenianych przyżyciowo, stwierdzono blisko 76% zwierząt o genotypie *NN*, a tylko 1% z udziałem homozygot recesywnych (*nn*) pod względem genotypu *RYRI*. Frekwencja allelu *NN* wynosiła 0,874, a allelu *n* – 0,126. U loch z oceną rozplodową 77,8% posiadało genotyp *NN*, 21,6% – *Nn* i 0,6% – *nn*. Po wybraniu do dalszej analizy loch z 3 miotami nie stwierdzono jednak zwierząt o genotypie *nn*, chociaż w tej grupie frekwencja allelu *n* była wyższa niż u wszystkich loch z oceną rozplodową.

W najnowszych pracach innych polskich badaczy nie wykazano loch o genotypie *nn* w populacji świń rasy pbz. Jasek i in. (2006) stwierdzili w jednym ze stad 76,27% loch z udziałem homozygot dominujących i 23,73% loch o genotypie *RYRI<sup>CT</sup>*, a frekwencja alleli była podobna jak w badaniach własnych. Bogdzińska (2006) u loch stad zarodowych z rejonu kujawsko-pomorskiego wykazała 57,50% loch o genotypie *NN* i 42,5% loch o genotypie *Nn*. We wcześniejszych badaniach tej autorki u wybranych loch pochodzących z tego rejonu również stwierdzono 50,62% loch o genotypie *NN* i 49,38% o genotypie *Nn* (Bogdzińska, 2004). Nieco odmiennie wyniki uzyskano w pracach dotyczących świń rasy Landrace w dwóch stadach zarodowych na terenie Słowacji. Omelka i in. (2006) wykazali 70,21% i 70,59% loch o genotypie *NN*; 27,66% i 26,06% – *Nn* i 2,12% i 2,35% – *nn* (frekwencja allelu *N* – 0,840 i 0,841, allelu *n* – 0,160 i 0,159).

W badaniach własnych określono, wyłączając grupę zwierząt o genotypie *nn* ze względu na jej małą liczebność, że nieco lepszymi parametrami pod względem cech tucznych i rzeźnych charakteryzowały się loszki będące homozygotami dominującymi *NN* w porównaniu z heterozygotami. Podobne wyniki uzyskali Jasek i in. (2006). Świnie o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>* charakteryzowały się lepszymi standaryzowanymi przyrostami dziennymi i lepszą procentową zawartością mięsa w tuszy (odpowiednio: 683 g i 59,74%) w porównaniu z lochami o genotypie *RYRI<sup>CT</sup>* (659 g i 57,19%),

nie stwierdzono jednak statystycznie istotnych różnic. Kamiński i in. (2002), podczas badania knurów rasy pbz w dwóch hodowlach wykazali, że w jednym ze stad świni będące homozygotami dominującymi gorzej przyrastały, lecz miały lepszą mięsność tuszy w porównaniu do zwierząt o genotypie *Nn*. W stadzie drugim stwierdzono odwrotną zależność. Krzęcio i Koćwin-Podsiadła (1999) z kolei stwierdziły wyższą mięsność szacowaną po uboju u tuczników o genotypie *Nn*. Wyżej wymienieni autorzy u świń rasy pbz objętych badaniami nie stwierdzili zwierząt o genotypie *nn*.

Pod względem liczby prosiąt urodzonych i odchowanych w miocie, generalnie lepszymi parametrami cechowały się lochy będące homozygotami dominującymi, z wyjątkiem liczby prosiąt urodzonych w 3. miocie. Bogdzińska (2004) również wykazała więcej prosiąt odchowanych w 1. i 2. miocie u loch o genotypie *NN* w porównaniu do loch o genotypie *Nn* (odpowiednio o: 0,76 i 0,72 szt.). U słowackich loch hodowlanych rasy Landrace stwierdzono także najwyższe parametry cech rozplodowych u loch o genotypie *NN* (Omelka i in., 2006). Jedynie w badaniach Jaska i in. (2006) można zauważyć mniejszą liczbę prosiąt urodzonych u loch o genotypie *RYRI<sup>CC</sup>*, chociaż lochy te odchowały więcej prosiąt w porównaniu do loch z *RYRI<sup>CT</sup>*.

Podsumowując można stwierdzić, że w krajowym pogłowie loch hodowlanych rasy pbz jest niewielki odsetek świń o niepożądanym genotypie *nn*. Na podstawie przeprowadzonych badań wykazano natomiast, że lochy o genotypie *NN* charakteryzowały się lepszą użytkowością tuczną, rzeźną i rozplodową w porównaniu do loch będących heterozygotami.

#### Piśmiennictwo

- Bogdzińska M. (2004). Effect of the *RYRI* gene polymorphism on selected reproductive traits of Polish Large White and Polish Landrace sows. Anim. Sci. Pap. Rep., Suppl., 22 (3): 13–17.
- Bogdzińska M. (2006). Struktura genetyczna w locus *RYRI*, *ESR* i *IGFI* w populacji loch rasy wbp i pbz. Kom. Nauk. PTZ, 5, s. 1.
- Eckert R., Szynkler-Nędza M. (2007). Ocena przyżyciowa młodych knurów. Stan hodowli i wyniki oceny świń. Wyd. własne. IZ- PIB, XXV: 21–37.
- Eckert R., Żak G. (2007). Ocena przyżyciowa loszek. Stan hodowli i wyniki oceny świń. Wyd. własne IZ-PIB, XXV: 38–51.
- Jasek S., Filistowicz M., Korzeniowski W. (2006). The relationship between *RYRI* gene polymorphism and reproduction performance sows of breeds: Polish Landrace, Duroc, Hampshire and Pietrain. Acta fytotechnica et zootechnica – Mimoriadne číslo, pp. 26–28.
- Kamiński S., Brym P., Wójcik E., Ruś A. (2002). Association between *RYRI* genotypes and meat performance traits in Polish Landrace and Duroc × Pietrain boars. Ann. Anim. Sci., Suppl., 2: 25–27.
- Krzęcio E., Koćwin-Podsiadła M. (1999). Efekt allelu *Hal<sup>n</sup>* w układzie heterozygotycznym w zakresie mięsności i jakości mięsa świń linii pbz-23 i mieszańców z jej udziałem. Roczn. Nauk. Zoot., Supl., 3: 145–151.
- Kurył J., Wróblewski P. (1992). The effect of halothane-sensitivity gene (*HAL<sup>n</sup>*) in pigs on litter size, piglets live and rate of piglets survival to the age of 9-11 weeks. Anim. Sci. Pap. Rep., 9: 47–52.
- Nyström P.E., Andersson K. (1993). Halothane gene effects on reproduction, production and organ weights in pigs. Acta Agric. Scand., 43: 201–206.

Omelka R., Peškovičová D., Martiniaková M., Bauer M., Bauerova M. (2006). Effect of the estrogen receptor (*ESR*) and ryanodine receptor (*RYR1*) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs. Arch. Tierz., Dummerstorf, 49 (4): 357–362.

Zatwierdzono do druku 5 X 2007

AURELIA MUCHA, MARIAN RÓŻYCKI, TADEUSZ Blicharski

**Fattening, slaughter and reproductive performance of Polish Landrace breeding sows according to *RYR1* genotype**

SUMMARY

The aim of the study was to estimate the frequency of genotypes at the *RYR1* locus and to determine the effect of different genotypes on fattening, slaughter and reproductive traits in Polish Landrace sows originating from Polish nucleus farms. Out of 797 live pigs studied, 75.8% had the *NN* genotype, 23.2% the *Nn* genotype, and 1% the *nn* genotype. Comparison of animals with the *NN* and *Nn* genotypes showed better fattening and slaughter parameters in pigs with the *NN* genotype. In 282 reproductively evaluated sows which gave 3 litters, genotype frequency was 74% for *NN* and 26% for *Nn*. Compared to *Nn* sows, sows with the *NN* genotype gave birth to and reared more piglets in the first two litters.

Key words: pigs, live and reproductive evaluation, *RYR1* gene