

ANALIZA STRUKTURY GENETYCZNEJ WYBRANYCH RAS ŚWIŃ HODOWLANYCH W POLSCE

Katarzyna Walinowicz, Magdalena Rogoz, Marian Różycki,
Aurelia Mucha, Mirosław Tyra

Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy, Dział Genetyki i Hodowli Zwierząt,
32-083 Balice k. Krakowa

Celem badań było scharakteryzowanie struktury genetycznej świń przy zastosowaniu sekwencji mikrosatelitarnych DNA. Przebadano łącznie 200 świń pięciu ras: wielkiej białej polskiej, polskiej białej zwisłouchej, Duroc, Pietrain i linii 990. Reakcję PCR typu multiplex przeprowadzono jednocześnie dla czterech loci (SW193, SW492, SW1067, SW1129) położonych na 6 chromosomie. Dla scharakteryzowania struktury genetycznej badanych ras świń wyliczono frekwencje alleli i genotypów. Allel o najwyższej frekwencji 0,83 wystąpił w locus SW193, a najniższej w locus SW1067. W oparciu o wyznaczone parametry został wyznaczony dystans genetyczny. Najniższy dystans obserwowano dla rasy wbp i linii 990.

Produkcja uzyskana od liczebnie określonej populacji zależy nie tylko od warunków środowiskowych, ale przede wszystkim od wartości genetycznej zwierząt. W związku z tym konieczne stało się prowadzenie prac hodowlanych, mających na celu poprawę pogłowia pod tym względem. W przypadku trzody chlewnej kierunek prac hodowlanych został wcześniej ustalony ze względu na jej jednostronne użytkowanie. Jednak na przestrzeni dziesiątek lat wymagania związane ze składem tuszy, a co za tym idzie, ich strukturą genetyczną, ulegały zmianie. Doskonalenie zwierząt hodowlanych polega na selekcji osobników odznaczających się takim genotypem, który będzie warunkował wystąpienie cech pożądaných przez hodowcę. Ilościowe oszacowanie genetycznej różnorodności wewnątrz i między populacjami stało się również elementem niezbędnym w planowaniu prac związanych z odnową zasobów genetycznych rodzimych ras i reintrodukcji zagrożonych gatunków zwierząt, jak również do monitorowania trendów genetycznych badanych populacji.

Początkowo do określenia struktury genetycznej populacji wykorzystywano markery klasy I, takie jak grupy krwi czy łatwo identyfikowalne enzymy krwi (Van Zeveren i in., 1990; Rohrer i in., 1997). Jednakże od kilkunastu lat w tego rodzaju analizach wykorzystuje się markery klasy II, jak polimorfizm fragmentów restrykcyjnych oraz sekwencje mini- i mikrosatelitarne. Te ostatnie stanowią najliczniejszą grupę

i najczęściej obecnie brane są pod uwagę w badaniach struktury genetycznej. Dzięki nim możemy wyznaczyć heterozygotyczność poszczególnych ras świń oraz określić dystans genetyczny pomiędzy interesującymi nas populacjami (Martinez i in., 2000; Zhao i in., 1999; Laval i in., 2000).

W przeprowadzonych badaniach podjęto próbę charakterystyki struktury genetycznej ras świń: wielka biała polska (wbp), polska biała zwisłoucha (pbz), Duroc, Pietrain oraz linii 990. Zwierzęta zostały podzielone na genotypy przy pomocy czterech markerów mikrosatelitarnych SW193, SW492, SW1067, SW1129, które położone są na chromosomie szóstym w pobliżu genu *RYRI*, zmapowanego na tym chromosomie w pozycji 6p11-6q21 (Schmoelzl i in., 1996). Otrzymane wyniki określają, które z markerów mikrosatelitarnych charakteryzują się dużą polimorficznością oraz jak duży dystans genetyczny istnieje pomiędzy badanymi rasami.

Material i metody

Materiał do analizy stanowiły próbki krwi pobrane od 200 loszek ras: polskiej białej zwisłouchy (n = 50), wielkiej białej polskiej (n = 59), Duroc (n = 25), Pietrain (n = 29) i linii 990 (n = 39) testowanych w Stacji Kontroli Użytkowości Rzeźnej Trzody Chlewnej w Pawłowicach. Przy wyborze zwierząt do badań kierowano się tym, aby pochodziły one z różnych ferm, od różnych par rodzicielskich. Wszystkie świny zostały zgenotypowane przy użyciu 4 markerów mikrosatelitarnych: SW193, SW492, SW1067, SW1129.

Izolację DNA przeprowadzono z wykorzystaniem Wizard[®] Genomic DNA Purification Kit. Do każdego markera mikrosatelitarnego dobrano sekwencje starterowe wyznakowane znacznikami fluorescencyjnymi typu „well red” (Rohrer i in., 1994).

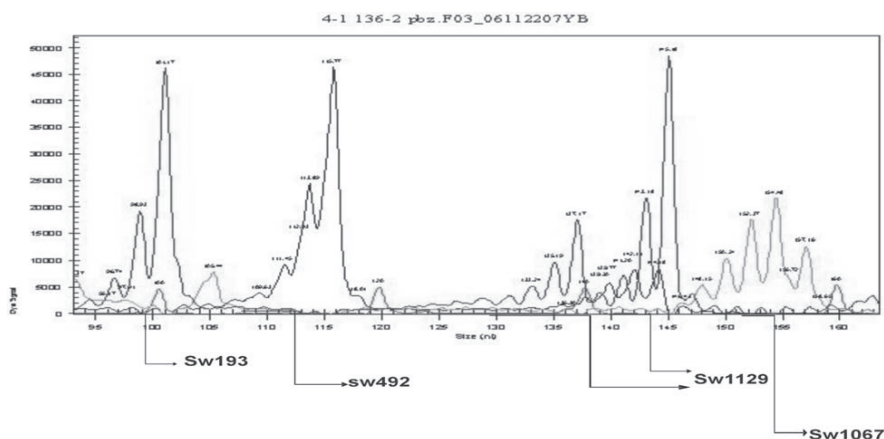
Ze względu na zbliżoną temperaturę przyłączania starterów (anniling) wszystkich *loci* markerowych możliwa była jednoczesna amplifikacja DNA w reakcji typu multipleks. Reakcję tę przeprowadzono w objętości 10 μ l dla pojedynczej próbki. Mieszanka reakcyjna zawierała: 3 mM MgCl₂, 0,4 mM dNTP, 1 μ l buforu (10x), startery 0,05 mM SW193, 0,2 mM SW492, 0,4 mM SW1067, 0,2 mM SW1129, 100 ng DNA i 2 U polimerazy Amplitaq Gold. Warunki amplifikacji dla wybranych *loci* mikrosatelitarnych były następujące: denaturacja wstępna: 10 min w 95°C, 30 cykli 30 s 94°C, 30 s 57°C, 30 s 72°C, wydłużanie 5 min w 72°C. Znaczniki fluorescencyjne wykorzystane do znakowania końca 5' jednego ze starterów z każdej pary przedstawione zostały w tabeli 1. Standard wielkości CEQ[™] DNA Size Standard 600 wyznakowany został znacznikiem fluorescencyjnym D1. Uzyskane fragmenty, w celu weryfikacji wielkości, zostały rozdzielone w denaturującym żelu poliakrylamidowym z wykorzystaniem metody elektroforezy kapilarnej w sekwenatorze CEQ[™]8000 Genetic Analysis System firmy Beckman Coulter (rys. 1). Wielkość analizowanych fragmentów DNA określono w parach zasad za pomocą komputerowego programu CEQ System.

Dla zobrazowania struktury genetycznej badanych ras świń uzyskane wyniki zostały przetworzone w programie statystycznym POPGENE (wersja 3.2.), dzięki któremu oszacowano frekwencje alleli i genotypów. W oparciu o dystans genetyczny (Nei i Roychoudhury, 1974) z wykorzystaniem metody skupienia parami UPGM

(Unweighted Pair Group Method) zostało utworzone drzewo filogenetyczne przedstawiające pokrewieństwo pomiędzy badanymi rasami.

Tabela 1. Wybrane sekwencje mikrosatelitarne dla trzody chlewnej (Rohrer i in., 1994)
Table 1. Some microsatellite sequences for pigs (Rohrer et al., 1994)

Locus	Znacznik fluorescencyjny Fluorescent marker	Przedział (pz) Range (bp)	Numer akcesyjny Access no.	Wielkość (pz) Size (bp)	Sekwencje starterów (5'→3') Starter sequences (5'→3')
SW1067	D3	144–175	AF235183	18 20	F:TGC TGG CCA GTG ACT CTG R:CCG GGG GAT TAA ACA AAA AG
SW492	D2	118–146	AF235311	22 20	F:TCC ATC AGC TCA CAT AGT TAG C R:ACC ATG ACA GGA ACT CCG AG
SW1129	D4	127–155	AF235199	22 22	F:GAT CAT ATG AGG AAA AGA ATG T R:GTC ACA GGG GGA ACA CCT TAA T
SW193	D4	101–109	AF235233	22 20	F:TGC CAT CCT TTC TTT CAT TAC G R:TCA CTC TGA GGG GTC CTG AC



Rysunek 1. Obraz po rozdziale elektroforetycznym w sekwenatorze CEQ™8000
Figure 1. Image obtained after electrophoretic separation in a CEQ™8000 sequencer

Wyniki

Liczbę alleli i genotypów oraz przedział wielkości alleli zestawiono w tabeli 2. Zidentyfikowano 22 warianty polimorficzne w czterech *loci* mikrosatelitarnych. Liczba alleli dla poszczególnych *locus* wahała się od 2 (*locus* SW193) do 7 (*loci* SW492 i SW1067). Najwyższą liczbą genotypów w badanych rasach charakteryzował się marker SW1067. Siedem ze wszystkich oznaczonych alleli, biorąc pod uwagę wszystkie *loci*, wystąpiło bardzo rzadko, z frekwencją poniżej 0,10.

Tabela 2. Liczba alleli (A) i genotypów (G) oraz przedział wielkości alleli dla każdego z markerów mikrosatelitarnych dla wszystkich badanych ras
 Table 2. Number of alleles (A) and genotypes (G) and allele size ranges for each microsatellite marker and pig breed

Locus	A	G	Przedział wielkości alleli (pz) Range of allele sizes (bp)
SW193	2	3	101–107
SW492	7	17	112–146
SW1067	7	26	145–171
SW1129	6	19	123–151

Frekwencję dla poszczególnych alleli przedstawiono w tabelach 3–6. Najniższym polimorfizmem charakteryzował się *locus* SW193, w którym zidentyfikowano 2 allele o długości 101 i 107 pz. Najczęściej obserwowano allel 101 pz (średnia frekwencja wynosiła 0,83), allel o długości 107 pz występował rzadko, tylko w rasie pbz z wyjątkowo wysoką frekwencją – 0,38. Najwyższym polimorfizmem cechowały się *loci* SW492 i SW1067, u których stwierdzono po 7 alleli. W *locus* SW492 długość alleli wynosiła od 112 pz do 146 pz, a częstość występowania alleli wahała się od 0,016 dla 112 pz do 0,44 dla 146 pz. Również w poszczególnych rasach stwierdzono różną frekwencję występowania alleli. W rasie wbp najwyższą zaobserwowano dla allelu o długości 146 pz, w rasie Pietrain – 142 pz, Duroc – 146 pz, linii 990 – 132 pz i pbz – 116 pz. Należy również zaznaczyć, że tylko allele o długości 116 pz, 132 pz i 146 pz występowały u wszystkich ras. Natomiast w *locus* SW1067 długość alleli wynosiła od 145 pz do 171 pz. Najniższą frekwencją oznaczał się najkrótszy allel (0,05), najwyższą 163 pz (0,32). W rasie wbp najwyższą frekwencję stwierdzono dla allelu o długości 163 pz, w rasie Pietrain – 159 i 163 pz, Duroc – 159 pz, linii 990 – 163 pz, pbz – 155 pz. Ponadto w linii 990 w tym *locus* nie wykazano allelu 145. W *locus* SW1129 zidentyfikowano 6 alleli o długości od 123 do 151 pz, a średnia ich frekwencja wahała się od 0,12 do 0,194. Najczęściej występował allel 151 pz w rasie pbz (0,5).

Tabela 3. Frekwencja alleli dla *locus* SW193
 Table 3. Allele frequency for *locus* SW193

SW193		
Rasa/Breed	Allele (pz)/bp	
	101	107
wbp/PLW	0,966	0,034
Pietrain	0,862	0,138
Duroc	0,979	0,021
Linia 990/Line 990	0,79	0,21
pbz/PL	0,62	0,38
Średnia frekwencja/Mean frequency	0,83	0,17

Tabela 4. Frekwencja alleli dla *locus* SW492
Table 4. Allele frequency for *locus* SW492

Rasa Breed	SW492						
	Allele (pz)/(bp)						
	112	116	122	132	142	144	146
wbp/PLW	0,068	0,068	0,017	0,025	0,076	0,17	0,576
Pietrain	X	0,224	X	0,035	0,414	0,19	0,14
Duroc	X	0,125	0,021	0,063	X	X	0,792
Linia 990/Line 990	0,013	0,171	0,184	0,79	X	0,066	0,487
pbz/PL	X	0,46	X	0,12	X	0,19	0,23
Średnia frekwencja Mean frequency	0,016	0,21	0,044	0,064	0,098	0,12	0,44

Tabela 5. Frekwencja alleli dla *locus* SW1067
Table 5. Allele frequency for *locus* SW1067

Rasa/Breed	SW1067						
	Allele (pz)/(bp)						
	145	155	159	161	163	165	171
wbp/PLW	0,009	0,203	0,11	0,017	0,593	0,059	0,009
Pietrain	0,103	0,155	0,241	0,069	0,241	0,052	0,138
Duroc	0,021	0,167	0,563	0,021	0,104	0,083	0,042
Linia 990/Line 990	X	0,211	0,013	0,184	0,421	0,079	0,092
pbz/PL	0,1	0,34	0,06	0,15	0,26	0,01	0,08
Średnia frekwencja Mean frequency	0,05	0,22	0,2	0,08	0,32	0,06	0,07

Tabela 6. Frekwencja alleli dla *locus* SW1129
Table 6. Allele frequency for *locus* SW1129

Rasa/Breed	SW1129						
	Allele (pz)/(bp)						
	123	139	141	143	145	151	
wbp/PLW	0,136	0,415	0,068	0,059	0,102	0,22	
Pietrain	0,276	0,069	0,138	0,138	0,19	0,19	
Duroc	0,063	0,04	0,313	0,188	0,375	0,02	
Linia 990/Line 990	0,11	0,12	0,197	0,145	0,395	0,04	
pbz/PL	0,02	0,21	0,01	0,12	0,14	0,5	
Średnia frekwencja Mean frequency	0,12	0,17	0,145	0,13	0,24	0,194	

Tabela 7 prezentuje genotypy o najwyższej frekwencji w poszczególnych *loci*. Najwyższą frekwencję odnotowano dla genotypu 101/101 w *locus* SW193 (68%). Natomiast w tabeli 8 zestawiono genotypy o najwyższej frekwencji dla poszczególnych ras we wszystkich markerowych *loci*. W tym wypadku najwyższą frekwencję zaob-

serwowano również dla genotypu 101/101 w *locus* SW193 w rasie Duroc (95,8%), choć również u innych ras genotyp ten występował z wysoką frekwencją.

Tabela 7. Genotypy (G) o najwyższej frekwencji (F) dla poszczególnych *locus*
Table 7. Genotypes (G) with the highest frequency (F) for particular *loci*

Locus	G	F (%)
SW193	101/101	68
SW492	146/146	32
SW1067	163/163	22
SW1129	139/145	12

Tabela 8. Genotypy (G) o najwyższej frekwencji (F) dla poszczególnych ras we wszystkich *loci* markerowych

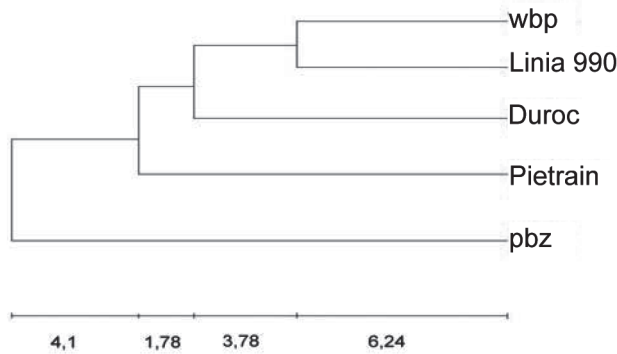
Table 8. Genotypes (G) with the highest frequency (F) for particular breeds at all marker *loci*

Locus	Rasa – Breed									
	wbp/PLW (59)		Pietrain (29)		Duroc (25)		Linia 990/Line 990 (39)		pbz/PL (50)	
	G	F (%)	G	F (%)	G	F (%)	G	F (%)	G	F (%)
SW193	101/101	93,2	101/101	72,4	101/101	95,8	101/101	60,5	101/107	68
SW492	146/146	49,2	116/142	27,6	146/146	70,8	146/146	28,9	116/116	26
SW1067	163/163	44,1	159/163	20,7	159/159	41,7	163/163	26,3	155/163	18
SW1129	139/151	18,6	123/145	20,7	141/141; 145/145	25	145/145	23,7	151/151	28

Podobieństwo i dystans genetyczny wyliczone zostało z wykorzystaniem metody według Nei'a i Roychoudhury'ego (1974). Wyniki przedstawiono w tabeli 9. Drzewo filogenetyczne zostało utworzone w oparciu o metodę skupienia parami – UPGM (Unweighted Pair Group Method) (rys. 2). Najniższy dystans genetyczny (0,12) uzyskano pomiędzy rasą wbp i linią 990. Ponadto linia 990 charakteryzowała się niskim dystansem genetycznym w stosunku do rasy Duroc (0,17) i Pietrain (0,21). Najwyższy natomiast uzyskano pomiędzy rasami pbz i Duroc (0,49). Najbardziej oddaloną rasą od innych na drzewie filogenetycznym jest rasa polska biała zwisłoucha, dla której dystans genetyczny wynosi ok. 0,30 w stosunku do pozostałych ras świń.

Tabela 9. Dystans genetyczny pomiędzy rasami
Table 9. Genetic distance between the breeds

Rasa Breed	wbp/PLW	Pietrain	Duroc	990	Pbz/PL
wbp/PLW	****				
Pietrain	0,2130	****			
Duroc	0,2293	0,2759	****		
990	0,1249	0,2192	0,1717	****	
pbz/PL	0,2716	0,2587	0,4892	0,2532	****



Rysunek 2. Dystans genetyczny pomiędzy polskimi rasami hodowlanymi
 Figure 2. Genetic distance among Polish pig breeds

Omówienie wyników

Markery mikrosatelitarne stały się bardzo popularne w badaniach nad strukturą genetyczną populacji. W populacji rodzimych ras trzody chlewnej w Chinach wykorzystano *loci* mikrosatelitarne rekomendowane przez Food and Agriculture Organization (FAO) i International Society for Animals Genetic (ISAG). Badania te miały na celu scharakteryzowanie ras chińskich pod względem heterozygotyczności, frekwencji poszczególnych alleli i zobrazowanie przy pomocy drzewa filogenetycznego dystansu pomiędzy poszczególnymi populacjami (Yang i in., 2003). Polecane przez FAO markery mikrosatelitarne cieszyły się dużym zainteresowaniem także w innych ośrodkach naukowych. W Chorwacji przy ich pomocy udowodniono małe zróżnicowanie w puli genetycznej rodzimej rasy Turopolje (Harcet i in., 2006), natomiast w Czechach przetestowano dzięki nim zróżnicowanie struktury genetycznej w rasach wykorzystywanych w hodowli (Putnova i in., 2003).

Przeprowadzone badania miały na celu scharakteryzowanie struktury genetycznej krajowych ras świń oraz przetestowanie przydatności markerów mikrosatelitarnych. Najwyższą polimorficznością charakteryzowało się *locus* SW1067, w którym zidentyfikowano 7 alleli o długości od 145 do 171 (najczęściej występującym był 163 pz i występował z frekwencją 0,32). Podobne wyniki uzyskano, badając populacje europejskie, gdzie wykryto w *locus* SW1067 siedem alleli, a ich przedział wielkości mieścił się w granicach 144 do 175 (Groenen i in., 2003). W związku z tym było ono najbardziej przydatne do wykazania różnic w obrębie puli genetycznej poszczególnych ras. *Locus* SW193 posiadało tylko dwa warianty alleli, co uniemożliwiało wykazanie zróżnicowania struktury genetycznej badanych grup zwierząt, dlatego też marker ten został uznany za nieprzydatny w tego rodzaju analizach.

Badane świny charakteryzowały się stosunkowo wysoką frekwencją poszczególnych alleli w czterech z badanych *loci*, np. dla *locus* SW492 allel o wielkości 146 wystąpił aż z 44% frekwencją. Ponadto stwierdzono, że nie wszystkie allele występowały w poszczególnych *loci*. Przykładowo allel o długości 142 pz w *locus* SW492

wystąpił tylko w rasie wbp i Pietrain, a o długości 112 pz w rasie: wbp i linii 990. Można przypuszczać, że allel 112 pierwotnie pojawił się w rasie wielkiej białej polskiej i został później przekazany linii 990. Natomiast w *locus* SW1067 nie zidentyfikowano allelu 145 pz u świń linii 990.

Przeprowadzone badania umożliwiły wyznaczenie dystansu genetycznego pomiędzy poszczególnymi rasami. Otrzymane wyniki odzwierciedliły pochodzenie syntetycznej linii 990, która stanowi ok. 3% pogłowia świń w Polsce. Przy jej tworzeniu wykorzystano lochy 3 ras: wielkiej białej polskiej, belgijskiej zwiślouchej i Duroc oraz knury ras: wielkiej białej polskiej, belgijskiej zwiślouchej, Duroc, Hampshire oraz Landrace niemiecki i angielski (Różycki, 1999). W niniejszych badaniach najniższy dystans genetyczny uzyskano pomiędzy linią 990 a rasą wbp i wynosił on 0,12, natomiast dystans genetyczny pomiędzy tą linią a rasą Duroc i Pietrain wynosił odpowiednio: 0,17 i 0,22. Na drzewie filogenetycznym najbardziej oddaloną rasą od innych jest rasa polska biała zwiśloucha. Świadczy to o różnicach w strukturze genetycznej tej rasy w odniesieniu do pozostałych. Jest to dobra informacja dla hodowców, ponieważ im bardziej zróżnicowana pula genetyczna, tym lepsze efekty można osiągnąć w pracach hodowlanych.

Szybki rozwój technik molekularnych umożliwiającą ustalenie genotypów w *loci* markerów genetycznych oraz w genach warunkujących ważne cechy z hodowlanego punktu widzenia pozwala na prowadzenie selekcji gwarantującej większy postęp hodowlany. W miarę postępu badań molekularnych powiększana będzie pula genów i markerów genetycznych, w oparciu o które będzie można prowadzić selekcję zwierząt. Istotna jest również możliwość wykorzystania markerów molekularnych w ocenie zmienności genetycznej, wewnątrz i między populacjami, co umożliwia prowadzenie prac związanych z odnową zasobów genetycznych rodzimych ras czy reintrodukcji zagrożonych gatunków zwierząt.

Piśmiennictwo

- Groenen M.A.M., Joosten R., Boscher M.-Y., Amigues Y., Rattink A., Harlizius B., van der Poel J.J., Crooijmans R. (2003). The use of microsatellites genotyping for population studies in the pig with individual and pooled DNA samples. *Arch. Zoot.*, 52: 145–155.
- Harcet M., Dikić M., Gamulin V. (2006). Low Genetic Diversity of the Turpolje Pig Breed. *Food Technol. Biotechnol.*, 44 (1): 105–109.
- Laval G., Iannucelli N., Legault C., Milan D., Groenen M.A.M., Giuffra E., Andersson L., Nissen P.H., Jorgensen C.B., Beeckman P., Geldermann H., Foulley J.L., Chevalet C., Ollivier L. (2000). Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Gen. Select. Evol.*, 32: 187–203.
- Martínez A.M., Delgado J.V., Rodero A., Vega-Pla J.L. (2000). Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Anim. Genet.*, 31 (5): 295–301.
- Nei M., Roychoudhury A.K. (1974). Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76: 379–390.
- Putnová L., Knoll A., Dvořák V., Dvořák J. (2003). A novel porcine microsatellite panel for the identification of individuals and parentage control in the Czech Republic. *Czech J. Anim. Sci.*, 48 (8): 307–314.
- Rohrer G.A., Leeson J.A., Keele J.W., Smith T.P., Beattie C.W. (1994). A Microsatellite Linkage Map of the Porcine Genome. *Genetics*, 136: 231–245.

- Rohrer G.A., Vögeli P., Stranzinger G., Alexander L.J., Beattie C.W. (1997). Mapping 28 erythrocyte antigen, plasma protein and enzyme polymorphisms using an efficient genomic scan of the porcine genome. *Anim. Genet.*, 28: 323–330.
- Różycki M. (1999). Znaczenie linii 990 w programach hybrydyzacji świń w Polsce. *Mat. międzynarod. konf. nauk.: Stan oraz perspektywy produkcji syntetycznych linii świń oraz ich wykorzystanie w krzyżowaniu*. Pawłowice, 2–3.09.1999, ss. 11–23.
- Schmoelzl S., Leeb T., Brinkmeier H., Brem G., Brenig B. (1996). Regulation of Tissue-specific Expression of the Skeletal Muscle Ryanodine Receptor Gene. *J. Biol. Chem.*, 271 (9): 4763–4769.
- Van Zeveren A., Bouquet Y., Van de Weghe A., Coppieters W. (1990). A genetic blood marker study on 4 pig breeds. I-Estimation and comparison of within-breed variation. II. Genetic relationship between the populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 107: 104–118.
- Yang S.L., Wang Z.G., Liu B., Zhang G.X., Zhao S.H., Yu M., Fan B., Li M.H., Xiong T.A., Li K. (2003). Genetic variation and relationships of eighteen Chinese indigenous pig breeds. *Genet. Select. Evol.*, 35: 657–671.
- Zhao F., Miller L.M., Chardon P., Rogel-Gaillard C., Louis C. F. (1999). Five new polymorphic microsatellite markers for pig chromosome 6p. *Anim. Genet.*, 30 (5): 394–395.

Zatwierdzono do druku 6 XI 2008

KATARZYNA WALINOWICZ, MAGDALENA ROGOZ, MARIAN RÓŻYCKI,
AURELIA MUCHA, MIROSLAW TYRA

Analysis of the genetic structure of some pig breeds raised in Poland

SUMMARY

The aim of the study was to characterize the genetic structure of pigs using microsatellite DNA sequences. A total of 200 Polish Large White (PLW), Polish Landrace (PL), Duroc, Pietrain and line 990 pigs were investigated. Multiplex PCR reaction was carried out simultaneously for four loci (SW193, SW492, SW1067, SW1129) on chromosome 6. Allele and genotype frequencies were calculated to characterize the genetic structure of the pig breeds analysed. The allele with the highest frequency (0.83) occurred at locus SW193 and that with the lowest frequency at locus SW1067. These parameters were used to determine the genetic distance. The smallest distance was found for PLW and line 990 pigs.

Key words: pigs, microsatellites, genetic structure, allele frequency