



UNIWERSYTET TECHNOLOGICZNO-PRZYRODNICZY
IM. JANA I JĘDRZEJA ŚNIADECKICH
W BYDGOSZCZY

ROZPRAWY NR 141

Maria Bogdzińska

**BADANIA
MOLEKULARNE I CYTOGENETYCZNE
W OCENIE CECH
UŻYTKOWOŚCI ROZRODCZEJ
LOCH RAS PBZ I WBP**

BYDGOSZCZ – 2010

REDAKTOR NACZELNY
prof. dr hab. inż. Janusz Prusiński

REDAKTOR DZIAŁOWY
dr hab. inż. Jerzy Nowachowicz, prof. UTP

OPINIODAWCY
prof. dr hab. Janusz Falkowski
prof. dr hab. Marek Kmiec

OPRACOWANIE REDAKCYJNE I TECHNICZNE
mgr Michał Górecki, mgr Patrycja Fereni-Morzyńska

© Copyright
Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
Bydgoszcz 2010

ISSN 0209-0597

Wydawnictwa Uczelniane Uniwersytetu Technologiczno-Przyrodniczego
ul. Ks. A. Kordeckiego 20, 85-225 Bydgoszcz, tel. 52 3749482, 3749426
e-mail: wydawucz@utp.edu.pl <http://www.utp.edu.pl/~wyd>

Wyd. I. Nakład 120 egz. Ark. aut. 8,2. Ark. druk. 9,4.
Oddano do druku i druk ukończono w kwietniu 2010 r.
Uczelniany Zakład Małej Poligrafii UTP Bydgoszcz, ul. Ks. A. Kordeckiego 20

Spis treści

1. WPROWADZENIE.....	5
1.1. Charakterystyka cech rozrodczych świń	5
1.2. Genetyczne uwarunkowanie cech rozrodczych świń	7
1.2.1. Wpływ genu <i>RYRI</i> na cechy rozrodcze świń.....	8
1.2.2. Wpływ genu <i>ESR</i> na cechy rozrodcze świń.....	10
1.2.3. Wpływ genu <i>IGF1R</i> na cechy rozrodcze świń.....	13
1.2.4. Wpływ genu <i>CYP21</i> na cechy rozrodcze świń.....	14
1.3. Zmiany w kariotypie świń i ich wpływ na cechy rozrodcze.....	15
1.3.1. Aberracje chromosomowe	16
1.3.2. Struktury polimorficzne w chromosomach świń.....	18
1.3.3. Kariotypy świń obojnaczych.....	19
1.3.4. Wpływ nieprawidłowości kariotypu na wyniki ekonomiczne	19
1.4. Cel pracy	19
2. MATERIAŁ I METODY BADAŃ	21
2.1. Materiał zwierzęcy	21
2.2. Badania molekularne.....	21
2.2.1. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>RYRI</i>	21
2.2.2. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>ESR</i>	22
2.2.3. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>IGF1R</i>	22
2.2.4. Identyfikacja polimorfizmu genu <i>CYP21</i>	23
2.2.5. Analiza polimorfizmu genetycznego	23
2.3. Otrzymywanie preparatów chromosomów metafazowych.....	23
2.4. Barwienie i analiza chromosomów metafazowych	24
2.4.1. Barwienie chromosomów barwnikiem Giemsa	24
2.4.2. Barwienie prążków GTG	24
2.4.3. Barwienie prążków C.....	24
2.4.4. Barwienie Ag-NOR.....	25
2.4.5. Analiza obrazu płytek metafazowych	25
2.5. Analiza statystyczna.....	25
3. WYNIKI.....	27
3.1. Charakterystyka ras pbz i wbp pod względem analizowanych cech użytkowości rozrodczej.....	27
3.2. Charakterystyka genetyczna analizowanego stada loch	48
3.2.1. Polimorfizm <i>RYRI/HhaI</i>	48
3.2.2. Polimorfizm <i>ESR/PvuII</i>	62
3.2.3. Polimorfizm <i>ESR/AvaI</i>	63
3.2.4. Polimorfizm <i>ESR/MspA1I</i>	64
3.2.5. Polimorfizm <i>CYP21/NciI</i>	65
3.2.6. Polimorfizm <i>CYP21/HaeIII</i>	66
3.2.7. Polimorfizm <i>IGF1R/Crf42I</i>	68
3.3. Wartości cech charakteryzujących użytkowość rozrodczą badanych loch z różnymi genotypami <i>RYRI/HhaI</i> , <i>ESR/PvuII</i> , <i>ESR/AvaI</i> , <i>ESR/MspA1I</i> , <i>CYP21/NciI</i> , <i>CYP21/HaeIII</i> , <i>IGF1R/Crf42I</i>	69

3.3.1. Polimorfizm <i>RYRI/HhaI</i>	69
3.3.2. Polimorfizm <i>ESR/PvuII</i>	75
3.3.3. Polimorfizm <i>ESR/AvaI</i>	81
3.3.4. Polimorfizm <i>ESR/MspA1I</i>	86
3.3.5. Polimorfizm <i>CYP21/HaeIII</i>	91
3.3.6. Polimorfizm <i>CYP21/NciI</i>	96
3.3.7. Polimorfizm <i>IGF1R/Cfr42I</i>	100
3.4. Charakterystyka cech rozrodczych loch w zależności od struktury genetycznej stada.....	106
3.4.1. Charakterystyka stad loch rasy pbz.....	106
3.4.2. Charakterystyka stad loch rasy wbp.....	110
3.5. Charakterystyka cytogenetyczna wybranej grupy loch	113
4. DYSKUSJA.....	118
4.1. Porównanie cech rozrodczych loch między rasami.....	119
4.2. Polimorfizm genu <i>RYRI</i> a cechy rozrodcze świń.....	121
4.3. Polimorfizm genu <i>ESR</i> a cechy rozrodcze świń.....	123
4.4. Polimorfizm genu <i>CYP21</i> a cechy rozrodcze świń.....	127
4.5. Polimorfizm genu <i>IGF1R</i> a cechy rozrodcze świń.....	129
4.6. Polimorfizm chromosomowy i struktury polimorficzne obserwowane w kariotypie świń i ich związek z cechami rozrodczymi	130
5. PODSUMOWANIE I WNIOSKI.....	133
LITERATURA.....	136
STRESZCZENIA.....	147

1. WPROWADZENIE

Obecnie w Polsce prowadzi się hodowlę dziewięciu ras i jednej linii syntetycznej (990) trzody chlewnej. Największą rolę gospodarczą odgrywają rasy polska biała zwisłoucha i wielka biała polska, zaliczane do ras matecznych, które łącznie stanowią około 85% krajowego pogłowia zarodowej trzody chlewnej.

Świnie rasy wielkiej białej polskiej (wbp) osiągają masę ciała charakterystyczną dla typu mięsnego (dorosłe lochy około 300 kg), a dojrzałość somatyczną w wieku 4 lat, przy czym pierwsze oproszenie następuje w wieku około 370 dni. Odznaczają się one dużą płodnością, charakterystyczną dla typu mięsnego (10-12 prosiąt w miocie), dobrą młecznością i zadawalającą odpornością oraz okresem międzymiotu wynoszącym około 195 dni. Udział rasy wbp w krajowym pogłowiu świń zarodowych wynosi około 37% [44].

Świnie rasy polskiej białej zwisłouchy (pbz) pod względem cech użytkowości rozrodczej są bardzo zbliżone do świń rasy wielkiej białej polskiej. Charakteryzuje je wiek pierwszego oproszenia około 350 dni oraz okres międzymiotu 195 dni. Jest to rasa typu mięsnego. Jej udział w krajowym pogłowiu świń wynosi około 50% [44].

1.1. Charakterystyka cech rozrodczych świń

Oplącalność hodowli trzody chlewnej jest uwarunkowana tempem wzrostu zwierząt, ich zdrowotnością, mięsnością, jakością tuszy oraz efektywnością reprodukcji. W coraz większym zakresie poznawane są genetyczne uwarunkowania cech produkcyjnych [87]. Prace hodowlane związane z doskonaleniem genetycznym świń opierały się na selekcji wykorzystującej wartości fenotypowe cech produkcyjnych dotyczących zarówno mięsności, jak i użytkowości rozplodowej. W przypadku trzody chlewnej istotne są zwłaszcza cechy związane z rozrodem, które odgrywają ogromną rolę ze względu na osiąganą produkcję i jej oplącalność. Zwiększenie liczby prosiąt w miocie daje możliwość dokonywania intensywniejszej selekcji w stosunku do innych ważnych gospodarczo cech. W warunkach intensywnego chowu świń locha powinna rodzić co najmniej 2,2 miotu w ciągu roku. Selekcja pod względem rosnącej liczebności miotu okazuje się skuteczna głównie w przypadku zwierząt modelowych (myszy i szczurów), podczas gdy u świń i owiec przynosi ograniczone efekty z racji swej niskiej odziedziczalności [77].

Ocenę wartości hodowlanej loch pod względem użytkowości rozrodczej przeprowadza się na podstawie liczebności i masy ciała uzyskiwanych od nich miotów, jak również częstotliwości oproszeń. Ze względu na niskie wskaźniki odziedziczalności cech rozrodczych szczególnego znaczenia nabiera prawidłowość ich oceny, gdyż zbyt późna ocena prowadziłyby do wydłużenia okresu między generacjami i obniżenie postępu hodowlanego. Użytkowość rozrodcza jest określana przez cechy, które charakteryzują płodność i plenność loch, ich młeczność i troskliwość macierzyńską, a mianowicie liczbę prosiąt żywo urodzonych i w 21. dniu życia, liczbę sutków lochy, wiek jej pierwszego oproszenia i okres międzymiotu. Należy podkreślić, że wszystkie te cechy w dużej mierze zależą od warunków środowiska, jakie stworzono lochom i ich potomstwu przez cały okres utrzymywania. Wpływ genotypu na cechy rozrodcze odzwiercie-

dłają współczynniki odziedziczalności, które dla liczby prosiąt żywo urodzonych w miocie wynoszą dla loch rasy pbz 0,098 a wbp 0,137 [168]. Natomiast współczynnik odziedziczalności dla liczby prosiąt w 21. dniu dla loch rasy pbz oszacowano na poziomie 0,107 a wbp 0,141 [168]. Taka wielkość współczynników odziedziczalności nie gwarantuje szybkiej poprawy cech rozplodowych poprzez selekcję prowadzoną metodami tradycyjnymi [168]. Bardzo zbliżone wartości współczynników odziedziczalności dla wymienionych wyżej cech reprodukcyjnych u ras wielkiej białej i landrace podają Skorupski i wsp. [138].

Większość cech określających użytkowość rozrodczą jest ze sobą dodatnio skorelowana, stąd selekcja na jedną z nich może spowodować poprawę innych. O możliwości jednoczesnego genetycznego doskonalenia kilku cech rozplodowych decydują korelacje między nimi. Nie obserwowano różnic pomiędzy rasami w wartościach współczynników korelacji fenotypowych między liczbą prosiąt żywo urodzonych a liczbą prosiąt w 21. dniu życia. Oszacowana ich wartość wynosiła dla rasy wbp $r_p = 0,883$, a dla rasy pbz $r_p = 0,877$ [167]. Nieznacznie wyższe wartości od współczynników korelacji fenotypowych przyjmują współczynniki korelacji genetycznych między liczbą prosiąt urodzonych a odchowanych do 21 dnia życia. Wynoszą one dla rasy wbp $r_G = 0,962$, a dla rasy pbz $r_G = 0,859$ [167]. Wysokie i zarazem dodatnie korelacje pomiędzy cechami związanymi z liczebnością miotu pozwalają na równoczesną poprawę obu cech [167].

Podstawową cechą użytkowości rozrodczej loch jest liczba żywo urodzonych i odchowanych prosiąt. Cechy te, o decydującym znaczeniu ekonomicznym, można oceniać w odniesieniu do jednego miotu, dla jednej lochy lub całego stada. Płodność loch uznaje się za małą w przypadku liczby prosiąt w miocie mniejszą od 8, za średnią przy 8-10 prosiątach i dużą powyżej 10 prosiąt. Istotną cechą charakteryzującą rozród swni jest częstotliwość oproszeń, która wynika z czasu trwania międzymiotu (od jednego zapłodnienia do następnego). Okres międzymiotu w stadach ras wbp i pbz objętych kontrolą w Polsce wynosi od 170 do 200 dni, co daje częstość oproszeń 2,2 do 1,8. Istotny jest także wiek pierwszego oproszenia, który wynosi średnio u loch rasy wbp 366 dni, a u loch rasy pbz 353 dni [44].

W badaniach Lechowskiej [90] przeprowadzonych w latach 1990-1996 produktywność życiowa wyrażona płodnością życiową dla loch pbz wynosiła średnio 40,13, a dla loch wbp 44,15 prosiąt. Średnia liczba urodzonych miotów przez lochy rasy pbz wynosiła 3,51, a przez lochy rasy wbp – 3,68. Analiza uwarunkowań produktywności loch zarodowych ras matecznych wykazała, że istotny wpływ na produktywność wywierały wiek pierwszego oproszenia oraz czas użytkowania rozplodowego. Największy potencjał rozrodczy wykazują lochy rasy pbz, które wydały pierwszy miot przed ukończeniem 365 dni życia, natomiast lochy rasy wbp w przedziale wiekowym od 396 do 425 dni. Płodność życiowa, jak również liczba urodzonych miotów u obu ras systematycznie wzrastały w miarę wydłużania okresu użytkowania rozplodowego.

Szczegółowej analizie poddano użytkowość rozplodową loch rasy pbz wpisanych do rejestru użytkowości rozplodowej, a utrzymywanych w południowo-wschodniej części Małopolski. W czasie użytkowania lochy rodziły średnio 66,97 prosiąt, 31% populacji loch urodziło do 70 prosiąt, a tylko 9% loch ponad 110 prosiąt. Okres użytkowania rozplodowego loch wynosił średnio trzy, cztery lata (40,78%), a 20,39% brakowano już po drugim roku. Wykazano także, że długość międzymiotu kształtowała się na poziomie 203,55 dni [91]. Wyższe wartości cech rozplodowych loch w ostatnich latach wynikają z poprawy genotypu zwierząt, wyższego poziomu żywienia i profilaktyki [93].

W latach 1998-2004 średnie wyniki charakteryzujące użytkowość rozplodową loch rasy wbp podawane przez Instytut Zootechniki w Krakowie w odniesieniu do zwierząt zarodowych przedstawiały się następująco: liczba prosiąt urodzonych w miocie od 11,41 do 11,59, liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia 10,67 do 10,94, natomiast wiek pierwszego oproszenia wynosił 352 do 360 dni, a okres międzymiotu 178 do 186 dni. W tym samym okresie zarodowe lochy rasy pbz średnio w miocie rodziły 11,51 do 11,66 prosiąt, odchowywały 10,81 do 11,01 prosiąt, pierwszy raz rodziły w wieku 341-348 dni, a okres międzymiotu wynosił 177 do 185 dni [111-117].

Należy zwrócić uwagę, że liczba prosiąt w 21. dniu życia w miotach loch rasy wbp na przestrzeni ostatnich 15 lat niewiele się zmieniła, gdyż w 1990 roku wynosiła średnio 10,99 prosięcia [93], a w 2004 roku – 10,93 [117]. W tym samym czasie zaobserwowano natomiast skrócenie okresu międzymiotu z 207,02 dni w 1990 roku [92] do 178 dni w 2004 roku [117]. Analiza płodności loch rasy pbz w latach 1992-1998 wykazała, że liczba prosiąt w miocie w wieku 21 dni wynosiła od 7,90 do 8,81, średnio 8,71 [60]. Są to wartości znacznie niższe od podawanych przez Instytut Zootechniki w Krakowie – średnia liczebność miotu w 21 dniu w 2004 roku wynosiła 10,99 prosięcia [117].

Użytkowość rozplodowa loch rasy wbp na terenie działania bydgoskiego oddziału Krajowego Centrum Hodowli Zwierząt w latach 2000-2003 przedstawiała się następująco: liczba urodzonych prosiąt w miocie 11,71 do 11,80, liczba prosiąt odchowanych 10,95 do 11,09, wiek w dniu pierwszego oproszenia 347,08 do 360,23 dni, okres międzymiotu 187,1 do 179 dni. Natomiast lochy rasy pbz charakteryzowały się liczbą prosiąt urodzonych 11,67 do 11,90, liczbą prosiąt odchowanych 11,06 do 11,28, wiekiem pierwszego oproszenia 347,74 do 355,83 dni oraz okresem międzymiotu 185,7 do 180,1 dni [113-116]. Wyniki użytkowości rozplodowej osiągnęte w populacji aktywnej trzody chlewnej na Lubelszczyźnie w latach 2000-2002 były porównywalne z wynikami uzyskiwanymi przez populację loch zarodowych kontrolowanych w Polsce [150]. Także w regionie lubawsko-ostrodzkim stwierdzono, że lochy rasy wbp pochodzące z gospodarstw zarodowych nie odbiegały pod względem wartości cech rozrodczych od loch z innych rejonów hodowlanych w kraju [54].

1.2. Genetyczne uwarunkowanie cech rozrodczych świń

Do niedawna wartość genetyczną zwierząt oceniano przede wszystkim przez porównanie ich wartości fenotypowych cech do średniej stada rówieśników. Obecnie dąży się do identyfikacji genów warunkujących cechy ważne ze względów hodowlanych. Pozwoli to, jak się wydaje, na doskonalenie metod selekcji, które mogą gwarantować uzyskanie większego postępu hodowlanego w porównaniu z metodami tradycyjnymi. Ponadto, selekcja będzie możliwa do przeprowadzenia u zwierząt w młodym wieku, co daje również określone korzyści hodowlane [133].

Większość cech ilościowych ma charakter poligeniczny, co oznacza, że za ujawnianie się cechy ilościowej odpowiedzialnych jest kilka lub więcej genów. Do chwili obecnej na poziomie molekularnym zidentyfikowano tylko niektóre geny odpowiedzialne za cechy ilościowe u świń. Nadal aktualne jest poszukiwanie genów dających główny efekt w cechach ilościowych – nazwano je QTL (quantitative trait loci). Identyfikowanie genów o dużym efekcie często odbywa się poprzez określenie markera genetycznego. Do niedawna głównymi markerami cech produkcyjnych były grupy krwi,

polimorficzne białka krwi i mleka, antygeny zgodności tkankowej, czyli markery genetyczne klasy I. Dzięki rozwojowi technik biologii molekularnej, markerów cech ilościowych zaczęto poszukiwać w obrębie mikrosatelitarnych sekwencji DNA – markerów klasy II (tandemowo powtarzające się kilkunukleotydowe sekwencje). Mikrosatelity dziedziczą się zgodnie z prawami Mendla, są równomiernie rozproszone w genomie, często występują w intronach genów oraz wykazują dużą polimorficzność.

Znajomość sekwencji mikrosatelitarnych oraz budowy genów i ich lokalizacji umożliwia stworzenie markerowej mapy genomu obejmującej wiedzę o lokalizacji chromosomowej genów – mapa fizyczna, jak i o odległościach i uszeregowaniu loci sprzężonych – mapa genetyczna [166].

Informacja genetyczna zawarta w genomie świni składa się z około 3 miliardów par zasad DNA tworzących $2n = 38$ chromosomów [59]. W związku z tym genom świni może zawierać od 65000 do 100000 mikrosatelitarnych loci, co daje $2,7 \times 10^9$ pz.

Mapa genomu świni na koniec 1995 roku, opracowana na podstawie opublikowanych danych europejskiego programu PiGMap oraz bazy danych USPIGBASE, obejmowała 730 loci, w tym 191 markerów I klasy i 529 markerów II klasy. Program PiGMap uruchomiono w 1991 roku w ramach ówczesnej Europejskiej Wspólnoty Gospodarczej [122]. W 1994 roku zapoczątkowano „Polski projekt mapowania genów cech ilościowych u świń”, który realizowano w latach 1994-1997 [93]. Yerle i wsp. [172] podali na łamach Mammalian Genome w 1997 roku – opierając się na wynikach innych autorów – szczegółową lokalizację w genomie świń 172 genów i 293 markerów jako anonimowych sekwencji DNA.

Na stronach internetowych można znaleźć katalog genów u świń związanych z endokrynologią i reprodukcją z podaną lokalizacją w chromosomie, symbolem i nazwą [178]. Z katalogu tego wynika, że w 10 i 11 chromosomie nie stwierdzono dotychczas genów wpływających na cechy reprodukcyjne. Natomiast najwięcej genów odpowiedzialnych za te cechy zlokalizowano w 3 i 6 chromosomie – po 7 genów.

Znajomość genów, które kształtują poziom określonych cech produkcyjnych zwierząt dotyczy niestety niezbyt licznej grupy. Wiele genów istotnie oddziałujących na produktywność pozostaje nadal genami hipotetycznymi, chociaż ich istnienia dowiedziono analizując materiał rodzinowy. Identyfikacja genów głównych jest obecnie przedmiotem wielu badań.

1.2.1. Wpływ genu *RYRI* na cechy rozrodcze świń

Gen *RYRI* uważany jest za gen główny mięsności świń. Jednocześnie decyduje on w znacznym stopniu o występowaniu mięsa obciążonego wadą PSE (mięso blade, miękkie i wodniste), co obniża jego wartość technologiczną. Niezamierzoną konsekwencją doskonalenia mięsności świń było zmniejszenie ich odporności na czynniki stresowe. Zwierzęta wrażliwe na stres charakteryzują się zwiększoną liczbą upadków w czasie trwania tuczu oraz obniżoną efektywnością reprodukcji [44].

Gen wrażliwości na stres *RYRI* (*HAL*) położony jest u świń w 6 parze chromosomów w pozycji 6q11-q12. Gen receptora rianodiny (*RYRI*) jest najlepiej poznanym genem o dużym efekcie u trzody chlewnej. W obrębie genu *RYRI* stwierdzono 18 mutacji punktowych, z których najistotniejsza jest punktowa tranzycja C w T w 1843 nukleotydzie, powodująca zamianę argininy w cysteinę w pozycji 615 łańcucha polipeptydowego. Istotną konsekwencją tej mutacji jest defekt membranowy, który polega na

nieprawidłowym transporcie jonów wapnia Ca^{2+} przez kanały wapniowe siateczki śródplazmatycznej mięśni szkieletowych [43, 173].

Niekorzystne oddziaływanie czynników stresowych na cechy użytkowości rozplodowej szczególnie uwidacznia się u zwierząt obciążonych genem wrażliwości na stres, a więc osobników z defektem membranowym. Stwierdzono, że efekt genu RYRI^T może wpływać na wielkość i masę urodzonego miotu, wskaźnik odchowu prosiąt, wiek i masę loszek w momencie wystąpienia pierwszej rui. Uzyskane dane wskazują na niekorzystny wpływ mutacji genu RYRI^T na wartość cech reprodukcyjnych. Jednakże opublikowane dotychczas wyniki prac dotyczących wpływu genotypu w locus RYRI na cechy rozrodcze świń nie są jednoznaczne. Stwierdzono, że w przypadku ras wielka biała polska i polska biała zwisłoucha mutacja 1843 C→T w genie RYRI wpływa na liczbę prosiąt urodzonych i w 21. dniu życia przy braku związku z masą miotu, wiekiem lochy przy oproszeniu oraz długością ciąży [154]. Mioty matek wrażliwych na stres były mniej liczne w momencie urodzenia średnio o 1,16 prosięcia w porównaniu z liczebnością miotów matek niewrażliwych. W 7. tygodniu życia prosiąt różnica ta wynosiła już 1,76 na korzyść miotów matek odpornych na stres. Różnica ta była wynikiem nie tylko mniejszej liczby urodzonych prosiąt w miotach matek podatnych na stres, lecz także ich większej śmiertelności. Kmieć i wsp. [61] przeprowadzili badania w stadzie zarodowym świń rasy polskiej białej zwisłouchy określając zależności między polimorfizmem w genie receptora rianodiny (RYRI) a wybranymi cechami użytkowości rozplodowej (liczba sutek u lochy, liczba urodzonych prosiąt w I, II i III miocie, wiek oproszenia). Zauważyli oni w trzech kolejnych miotach małe i statystycznie nieistotne różnice między lochami z genotypami RYRI NN i Nn .

Częstość występowania mutacji RYRI kształtuje się bardzo różnie w zależności od rasy, a także stada. W populacji świń rasy wbp częstość allelu C wynosiła 0,78 a T 0,22 [177]. Natomiast Bečková i wsp. [7] badając lochy landrace w Republice Czeskiej, stwierdzili częstość występowania genotypów NN 97,9%, Nn 2,1%. W rasie landrace norweski odnotowano frekwencję genotypu NN na poziomie 95,6%, a genotypu Nn 4,4%.

Z kolei w innej populacji świń rasy Landrace zaobserwowano występowanie genotypu CC z częstością 71,3%; CT 27,3% a TT 1,4% co daje częstość allelu C 0,849 a allelu T 0,151 [48].

Stalder i wsp. [151] w populacji 841 lochy rasy Landrace utrzymywanych w 9 stadach stwierdzili 623 osobniki NN , 218 Nn oraz 3 nn . W poszczególnych stadach frekwencja allelu n wahała się od 0,07 do 0,28. Analizując wpływ genotypu lochy na liczbę żywo urodzonych prosiąt, liczbę prosiąt w wieku 21 dni, masę ciała prosiąt w wieku 21 dni stwierdzono brak istotnych różnic w wartościach tych cech między lochami o genotypie NN i Nn .

Matoušek i wsp. [101] badali wpływ genu RYRI na wyniki reprodukcyjne w dwóch stadach lochy rasy wielkiej białej. W obu nie stwierdzono obecności homozygot pod względem allelu T , natomiast przeważały homozygoty pod względem allelu C 94,94% (stado A) i 90,97% (stado B). Frekwencja allelu C wynosiła odpowiednio 0,975 i 0,954, a T 0,025 oraz 0,045. Mimo zbliżonej frekwencji genotypów w obu stadach, w stadzie A stwierdzono w pierwszym miocie ogólną liczbę urodzonych prosiąt statystycznie istotnie wyższą u zwierząt z heterozygotycznym genotypem CT w porównaniu z lochami o genotypie CC . Natomiast w stadzie B takiej zależności nie zaobserwowano. Ogólna liczba urodzonych prosiąt w miotach od 1. do 6. okazała się istotnie statystycznie wyższa tylko u lochy o genotypie CT ze stada A. Obserwowane różnice w pozosta-

łych cechach (liczba żywo urodzonych, liczba odsadzonych prosiąt) w obu stadach okazały się nieistotne statystycznie.

Natomiast wśród 225 loch rasy wielkiej białej obserwowano następujące genotypy z częstością $NN - 0,76$, $Nn - 0,14$ i $nn - 0,10$, co dawało frekwencję allelu N wynoszącą $0,83$ i allelu n $0,17$. Liczebność pierwszego miotu wynosiła średnio dla loch o genotypie NN $10,21$ prosięcia, o genotypie Nn $9,62$ prosięcia i o genotypie nn $7,11$ prosięcia. Z kolei liczba odsadzonych prosiąt wynosiła odpowiednio $9,21$, $8,13$ i $7,11$ prosiąt. Na tej podstawie Qiong i wsp. [118] wysunęli tezę, że allel n wywiera negatywny wpływ na cechy rozrodcze loch oraz na wzrost prosiąt.

Bogdzińska [9] badając lochy rasy wbp stwierdziła częstość allelu N $0,92$, a allelu n $0,08$. Lochy o genotypie NN były starsze w chwili pierwszego oproszenia niż lochy Nn , odpowiednio $334,82$ i $291,44$ dni. Liczebność pierwszego miotu w wieku 21 dni była większa u loch o genotypie NN ($9,53$ prosiąt) niż o genotypie Nn ($8,00$ prosiąt). W drugim miocie obserwowano zbliżone liczebności prosiąt. Natomiast wśród loch rasy pbz częstość allelu N wynosiła $0,75$, a allelu n $0,25$. Wartości średnie cech dotyczących rozrodu w obu grupach genotypowych (NN i Nn) loch rasy pbz były zbliżone. W obu rasach pod względem analizowanych cech użytkowości rozplodowej stwierdzono małe i statystycznie nieistotne różnice między lochami o genotypach NN i Nn .

Babicz i wsp. [5] przeprowadzili badania w kierunku ustalenia zależności pomiędzy genotypami w locus $RYRI$ a wartościami cech rozrodczych loch rasy puławskiej. Na podstawie uzyskanych wyników nie potwierdzono jednoznacznie negatywnego oddziaływania allelu $RYRI^T$ na poziom cech rozrodczych loch badanej rasy.

Analizowano także frekwencję genotypów i genów w populacji knurów ras ojcowskich użytkowanych w stacjach inseminacyjnych. Wśród knurów rasy pbz frekwencja genów wyniosła $0,89$ N i $0,11$ n . Natomiast wśród knurów rasy wbp nie obserwowano homozygot nn , co wpłynęło na bardzo niską frekwencję allelu n wynoszącą $0,02$ i wysoką allelu N $0,98$ [58].

Niekorzystne oddziaływanie mutacji w genie $RYRI$ na cechy produkcyjne stwarza konieczność prowadzenia kontroli genetycznej i usuwania osobników obciążonych mutacją $1843\text{ C}\rightarrow\text{T}$ z populacji przeznaczonych jako materiał zarodowy. Przyczyni się to niewątpliwie do poprawienia ostatecznego efektu ekonomicznego prowadzonej hodowli.

1.2.2. Wpływ genu *ESR* na cechy rozrodcze świń

Genem kandydującym do roli genu głównego lub z nim związanym, odpowiedzialnym za liczbę żywo urodzonych prosiąt jest gen *ESR* (ang. estrogen receptor gene). Produkt receptora estrogeny należy do rodziny czynników transkrypcyjnych, regulujących poziom transkrypcji w komórkach docelowych. Gen ten zlokalizowano u świń w chromosomie 1 ($1p2.5-2.4$). Badania molekularne genu receptora estrogenowego, prowadzone u świń, pozwoliły na wykrycie trzech mutacji punktowych:

- zamiana $A\rightarrow T$ w 3 intronie, w 1665 nukleotydzie, identyfikowana enzymem restrykcyjnym *PvuII* (genotypy *AB*, *BB*),
- tranzycja $A\rightarrow G$ w pozycji 1754 nukleotydu, zlokalizowana w 8 eksonie, identyfikowana enzymem restrykcyjnym *MspAII* (genotypy *AB*, *BB*),
- substytucja $T\rightarrow C$ w 8 eksonie, w 1665 nukleotydzie, rozpoznawalna przez enzym restrykcyjny *AvaI* (genotypy *WM*, *MM*) [8, 28].

Najczęściej opisywanym w literaturze przedmiotu jest polimorfizm genu *ESR* identyfikowany restryktazą *PvuII*. Wielu autorów w swoich pracach omawia częstość występowania poszczególnych genotypów i alleli *ESR/PvuII* w badanych populacjach świń należących do różnych ras. Wśród badanych grup świń rasy wielkiej białej obserwowano trzy genotypy występujące z różną częstością. Najczęściej obserwowany był genotyp *AB*, którego częstość wahała się w granicach od 0,35 do 0,65. Zdecydowanie z mniejszą częstością – w granicach od 0,07 do 0,13 – występował genotyp *BB*, oraz genotyp *AA* w granicach od 0,27 do 0,56 [10, 49, 51, 52, 96, 100, 101, 107, 174]. W związku z występowaniem takiej frekwencji genotypów obserwowano większą częstość allelu *A* (od 0,53 do 0,73) w porównaniu z występowaniem allelu *B*, którego frekwencja wahała się w granicach od 0,23 do 0,47 [10, 51, 52, 96, 100, 101, 136, 174]. W dostępnej literaturze można spotkać nieliczne prace, w których autorzy podają odmiennie wyniki odnośnie frekwencji alleli w locus *ESR/PvuII*. Przykładem jest praca Napierały i wsp. [106], którzy stwierdzili częstość allelu *A* (*ESR/PvuII*) 0,2879 i allelu *B* 0,7121 w stadzie loch rasy wbp. Z kolei najczęściej obserwowanym genotypem wśród badanych grup rasy pbz był genotyp *AA*, którego frekwencja kształtowała się na poziomie 0,85, natomiast genotyp heterozygotyczny *AB* występował z częstością 0,14-0,16. W tej rasie obserwowano również najmniejszą frekwencję genotypu *BB*, a w niektórych stadach nie stwierdzono zwierząt o tym genotypie [7, 99, 108, 136]. Także wśród stad świń rasy pbz obserwowano odmienną strukturę genetyczną. Kowalewska-Łuczak i wsp. [81] stwierdzili frekwencję genotypów *ESR/PvuII* w stadzie loch rasy pbz na poziomie *AA* – 0,17, *AB* – 0,23 oraz *BB* – 0,60.

Wang i wsp. [170] określając polimorfizm *ESR/PvuII* zauważyli występowanie trzech genotypów o różnej frekwencji. Wśród loch rasy Landrace zdecydowanie najczęściej występował genotyp *AA*, a u wielkiej białej genotyp *AB*. W obu rasach najmniej loch obserwowano o genotypie *BB*.

Wśród mieszańców pochodzących z krzyżowania świń rasy landrace z wielką białą stwierdzono występowanie dwóch genów allelomorficznych z częstością allelu *A* 0,98, a allelu *B* 0,02. Wśród świń jednej linii obserwowano 166 osobników o genotypie *AA*, 22 o genotypie *AB* i jednego osobnika o genotypie *BB*. W pozostałych dwóch liniach występowały osobniki tylko o genotypie *AA* [98].

W stadzie loch mieszańców F_1 pochodzących z krzyżowania ras złotnicka pstra i pbz stwierdzono częstość alleli *ESR/PvuII* na poziomie 71,8% (allel *A*) i 28,2% (allel *B*) [78].

Drögemüller i wsp. [28] badali wpływ polimorfizmu *ESR/PvuII* na cechy rozrodcze knurów i loch ras niemiecki landrace i duroc oraz linii syntetycznej duroc x wielka biała. Stwierdzono, że tylko w linii syntetycznej występował allel *B* z częstością 0,1 przy braku osobników z homozygotycznym genotypem *BB*. Pozostałe zwierzęta rasy niemiecki landrace i duroc miały tylko genotypy *AA*.

Drugim miejscem polimorficznym w genie *ESR* jest polimorfizm identyfikowany restryktazą *AvaI*. Kamiński i wsp. [57] określając frekwencję genotypów *ESR/AvaI* wśród knurów rasy pbz stwierdzili, że na 192 knury 147 miało genotyp *WW*, 43 *WM* i 2 *MM*. Obserwowana frekwencja alleli wśród tej badanej grupy wynosiła dla allelu *W* 0,88 i *M* 0,12. Natomiast wśród 150 knurów rasy wbp było 55 osobników o genotypie *WW*, 49 *WM* i 46 *MM*, co daje frekwencję alleli odpowiednio *W* 0,53 i *M* 0,47 [57]. Ten sam zespół autorów stwierdził u świń rasy wbp występowanie trzech genotypów z częstością *WW* na poziomie 40%, *WM* 32% oraz *MM* 28%, natomiast u rasy pbz dwa genotypy o częstości *WW* 69,1% i *WM* 30,9% [56].

Od 1990 roku zaczęto prowadzić badania nad wpływem polimorfizmu *ESR/PvuII* na cechy reprodukcyjne u świń należących do różnych ras. Stwierdzono korzystne oddziaływanie genotypu *BB* na liczbę urodzonych prosiąt, żywo urodzonych i odsadzonych zarówno u rasy wielkiej białej, jak i landrace [7, 51, 96, 99, 100, 101, 132]. Polimorfizm *ESR/PvuII* może być rozważany jako gen główny dla liczebności miotu, przy czym odnotowano różnice dla wielkości miotu pomiędzy rasami wielka biała a landrace oraz genotypami [1, 107, 109, 136]. Niewielką zależność stwierdzono pomiędzy genotypem *ESR/PvuII* a liczbą prosiąt w kolejnych oproszeniach [81].

Rothschild i wsp. [131] oraz Rohrer i wsp. [130] uważają, że polimorfizm *ESR/PvuII* należy do genów głównych wpływających na liczbę urodzonych prosiąt. W swoich badaniach wyżej wymienieni autorzy stwierdzili istotne statystycznie różnice w liczbie urodzonych prosiąt na korzyść genotypu *BB* zarówno u świń rasy wielkiej białej, jak i Meishan. Bardzo zbliżone obserwacje poczynili Short i wsp. [137] wskazując na przewagę loch o genotypie *BB*. Wpływ genotypów na liczebność miotu można przedstawić: $AA < AB < BB$ [174].

Goliasova i Wolf [37, 38] badając polimorfizm *ESR/PvuII* u świń rasy wielkiej białej czeskiej stwierdzili przewagę loch o genotypie *AA* pod względem cech rozrodczych w stosunku do loch o genotypie *BB*. Natomiast lochy o genotypie *AB* wykazywały wartości pośrednie pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych, liczby prosiąt urodzonych oraz liczby prosiąt odsadzonych. Podobne zależności obserwowali Horogh i wsp. [47] w stadzie loch rasy węgierskiej białej. Rens i wsp. [127] w populacji loch mieszańców pochodzących z krzyżowania ras wielkiej białej z Meishan stwierdzili przewagę loch o genotypie *AB* pod względem liczebności miotu (liczby urodzonych i liczby żywo urodzonych prosiąt) nad zwierzętami o genotypach *AA* i *BB*. Liczba urodzonych prosiąt przez lochy o genotypie *AB* wynosiła średnio 11,88, *AA* – 11,38 oraz *BB* – 10,68 osobników. Natomiast liczba żywo urodzonych prosiąt kształtowała się odpowiednio 11,07, 10,45 i 9,85. Niektórzy autorzy [10, 106] wskazują na odchowane liczniejsze mioty przez lochy rasy wbp o genotypie *AA* w stosunku do loch o genotypie *AB*. Z kolei u loch rasy pbz stwierdzono, że lochy o genotypie heterozygotycznym rozdziły mniej liczne mioty w porównaniu z lochami o genotypie *AA* [108].

W stosunku do pozostałych cech charakteryzujących rozród także zauważono pewien wpływ polimorfizmu *ESR/PvuII* na ich wartość. Analiza porównawcza między genotypami *AA* i *AB* wykazała istotne różnice w czasie trwania ciąży i masie miotu na korzyść loch o genotypie *AA* należących do ras wielkiej białej i landrace [86]. Z kolei stwierdzono zbliżony wiek pierwszego oproszenia loch rasy wbp niezależnie od genotypu [10].

W stadzie loch (mieszańce F_1 złotnicka pstra x pbz) stwierdzono istotną zależność między długością ciąży a genotypem *ESR/PvuII*. Po uwzględnieniu regresji na liczebność miotu statystycznie istotne różnice między zwierzętami o genotypie *AA* i *AB* stwierdzono w odniesieniu do czasu trwania ciąży i masy miotu [78].

Gibson i wsp. [36] określili przewagę zwierząt o genotypach *AA* i *AB* (*ESR/PvuII*) nad zwierzętami o genotypie *BB* pod względem wieku pierwszego oproszenia, liczby urodzonych i liczby żywo urodzonych prosiąt w dwóch kolejnych miotach w stadzie loch mieszańców F_2 pochodzących z krzyżowania ras Meishan z Large White. Lochy o genotypie *AB* uzyskały lepsze wyniki pod względem wymienionych wyżej cech dotyczących rozrodu w porównaniu z lochami o genotypie *BB*. Natomiast lochy o genotypie *AA* w stosunku do loch o genotypie *BB* okazały się lepsze pod względem liczby urodzonych i liczby żywo urodzonych prosiąt tylko w pierwszym miocie. Munoz

i wsp. [105] stwierdzili powiązanie pomiędzy genotypem zwierząt *ESR/PvuII* a liczebnością miotu u świń iberyjskich. Pozytywny wpływ genotypu *BB* na cechy rozrodcze loch stwierdzono także w innych rasach, jak yorkshire, hampshire oraz ich mieszańców z rasą wielką białą [50, 53].

Drögemüller i wsp. [28] badali wpływ polimorfizmu *ESR/PvuII* na cechy rozrodcze knurów i loch ras niemiecki landrace i duroc oraz linii syntetycznej duroc x wielka biała. Przy braku zwierząt będących homozygotami *BB* obserwowano istotne różnice dotyczące liczby prosiąt żywo urodzonych w pierwszym miocie i łącznie dla 10 miotów na korzyść zwierząt o genotypie *AB*. Zwierzęta rasy niemiecki landrace i duroc miały genotypy tylko *AA*.

Analizując stado knurów użytkowanych rozplodowo stwierdzono statystycznie istotne zależności między badanymi cechami nasienia a genotypem zwierząt pod względem *ESR/PvuII*. Przeprowadzone badania sugerują możliwości wykorzystania istniejącego polimorfizmu *ESR/PvuII* w doskonaleniu cech użytkowości rozplodowej knurów [55, 64, 67, 70, 71, 164].

Z kolei Leeds i wsp. [95] zauważyli wpływ genotypu *ESR/PvuII* na grubość słoniny i masę ciała przy urodzeniu. Natomiast autorzy ci nie stwierdzili powiązania pomiędzy polimorfizmem *ESR/PvuII* a liczbą sutków, masą ciała prosiąt przy odsadzeniu, średnim przyrostem dziennym i przekrojem mięśnia najdłuższego grzbietu. Sugeruje to uwzględnienie genotypu *ESR/PvuII* w programie selekcyjnym (gen główny QTL).

Frekwencja alleli odpowiedzialnych za większą liczbę urodzonych prosiąt w miocie w większości stad jest niska, co oznacza, że w stadzie może ich w ogóle nie być. Zatem oznaczenie frekwencji alleli wpływających na liczbę prosiąt w miocie może pomóc w prowadzeniu selekcji ze względu na tę cechę. W stadach zarodowych można włączyć do pracy hodowlanej oznaczanie tych genów [110]. Należy podkreślić, że polimorfizm *ESR* zostaje zachowany w kolejnych pokoleniach, co dowiedziono na podstawie badań kolejnych populacji mieszańców [11].

1.2.3. Wpływ genu *IGF1R* na cechy rozrodcze świń

Kolejnym genem mającym wpływ na cechy reprodukcyjne jest *IGF1R* (insulinowy czynnik genu hormonu wzrostu). Jest on zaliczany do genów głównych i zlokalizowanego u świń w piątym chromosomie 5q23-q24 [94, 178]. Produkt genu, zwany również somatomedyną-C, wytwarzany jest przez hepatocyty i komórki podścieliska szpiku kostnego. Synteza jego jest kontrolowana przez wydzielany przez przysadkę mózgową hormon wzrostu. Wyniki badań wskazują, że *IGF1* jest czynnikiem wpływającym na końcowe etapy hemopoezy, gdy na komórkach docelowych pojawia się znaczna ekspresja jego receptora [27].

Stymulację produkcji *IGF1* przez hormon wzrostu (GH) w jajniku stwierdzono obserwując podwyższoną liczbę pęcherzyków skorelowaną z koncentracją hormonu wzrostu, czynnika insulinopodobnego *IGF1* oraz insuliny we krwi [89]. Działając za pośrednictwem *IGF1*, hormon wzrostu wpływa na liczbę receptorów LH i produkcję progesteronu, ponadto może stymulować produkcję *IGF1* w jajniku i wspomagać proces wzrostu pęcherzyków. Wykazano także dodatni wpływ *IGF1* na jakość wyprodukowanych zarodków oraz na proces ekspansji komórek pęcherzykowych i dojrzewania jądra oocytów [89]. *IGF1* wspomaga działanie genu hormonu wzrostu i wspólnie z nim istotnie wpływa na kształtowanie tempa wzrostu i składu tuszy. Ze względu na specyfikę działania genu *IGF1* najczęściej badania dotyczą jego wpływu na cechy wzrostu i rozwoju,

a także cechy mięsności i użytkowości rzeźnej [97, 102, 169]. Nieliczne prace dotyczą poznania wpływu genu *IGF1* na cechy rozrodcze zwierząt [6].

Wiadomo także, że insulinopodobny czynnik wzrostu (*IGF1*) może wpływać *in vitro* – podobnie jak insulina – na funkcjonalne różnicowanie gruczołu mlekowego. Ostatnio stwierdzono, że *IGF1* ma silne właściwości stymulujące wzrost komórek ziarnistych pęcherzyka jajnikowego u bydła. Poza tym, gen *IGF1* charakteryzuje się dużym konserwatyzmem ewolucyjnym, np. sekwencje nukleotydowe *IGF1* są bardzo zbliżone u ludzi i bydła [176].

U 53 loch badano polimorfizm genu *IGF1* i genu receptora estrogenu (*ESR*) określając jego wpływ na liczbę prosiąt urodzonych ogółem, liczbę prosiąt urodzonych żywo, masę miotu przy urodzeniu, masę miotu w dniu odsadzenia, liczbę odsadzonych prosiąt, średnią masę prosięcia przy odsadzeniu i czas trwania ciąży. Stwierdzono istotną zależność między genotypem *IGF1* (sekwencja mikrosatelitarna) a liczbą prosiąt urodzonych ogółem, liczbą prosiąt urodzonych żywo i długością ciąży. Zależności takiej nie zauważono natomiast między genotypem *ESR* a badanymi cechami reprodukcyjnymi [79].

1.2.4. Wpływ genu *CYP21* na cechy rozrodcze świń

Postęp w badaniach genomu świni umożliwił identyfikację polimorficznych loci pojedynczych genów kontrolujących cechy reprodukcyjne o których wiadomo, że mają lub mogą mieć wpływ na poziom reprodukcji tych zwierząt. Gen 21-hydroksylazy steroidowej (*CYP21*) zlokalizowany w 7 chromosomie świni w rejonie SLA klasy III w segmencie DNA pomiędzy rejonami SLA klasy I a SLA klasy II uznano za „gen kandydat” cech reprodukcyjnych. Składa się on z około 3050 par zasad, zawiera 10 eksonów oddzielonych przez introny i koduje białko o 492 aminokwasach [34, 35, 65, 66, 69, 149]. Gen ten został zaliczony także do genów głównych wpływających na cechy rozrodcze loch [119]. W genie tym występują mutacje, które dają określone warianty genetyczne *CYP21/NciI* i *CYP21/HaeIII*. Prowadzona analiza zależności między wariantami genetycznymi genu *CYP21/HaeIII* a cechami charakteryzującymi użytkowość rozrodczą loch rasy wielkiej białej polskiej (liczba prosiąt urodzonych żywych i martwych, liczba prosiąt odchowanych, odsetek upadków w okresie odchowu) wykazała szereg różnic pomiędzy lochami z różnymi genotypami [65].

Analiza zależności między genotypami 21-hydroksylazy steroidowej (poddanej trawieniu endonukleazą *HaeIII*) a cechami użytkowości rozplodowej stada loch rasy polskiej białej zwisłouchej wykazała małe różnice pomiędzy lochami z genotypami *CYP21^ACYP21^B* a *CYP21^BCYP21^B* oraz istotnie większą liczbę sutek i istotnie większą liczbę prosiąt urodzonych w trzecim miocie u loch z genotypem *CYP21^BCYP21^B* [66, 73].

Analizowano zależności pomiędzy genotypami *CYP21/HaeIII* a cechami nasienia knurów należących do różnych ras. Stwierdzono istotnie więcej żywych plemników w ejakulacie i prawidłowych plemników u knurów z genotypem *AB* w porównaniu z knurami o genotypie *BB* [63, 74]. Przeprowadzona analiza zależności między genotypami *CYP21/NciI* i *CYP21/HaeIII* a badanymi cechami nasienia knurów wykazała, że istnieją możliwości doskonalenia niektórych cech użytkowości rozplodowej knurów na podstawie badanych polimorfizmów [69].

Analiza zależności pomiędzy genotypami *CYP21/NciI* u loch rasy wielkiej białej a cechami reprodukcyjnymi loch wykazała istotne różnice pomiędzy lochami pod

względem liczby martwo urodzonych prosiąt w miocie i ich śmiertelności w pierwszym miocie między zwierzętami z genotypami $CYP21^A CYP21^A$ a $CYP21^B CYP21^B$ na korzyść drugiego genotypu. Frekwencja genotypów w badanej grupie loch wynosiła $CYP21^A CYP21^B - 0,527$, $CYP21^B CYP21^B - 0,440$ oraz $CYP21^A CYP21^A - 0,033$ [68].

1.3. Zmiany w kariotypie świń i ich wpływ na cechy rozrodcze

Rozwój badań cytogenetycznych w ostatnich dziesięcioleciach spowodował, że zdiagnozowano liczne przypadki anomalii chromosomowych u zwierząt gospodarskich (bydła, świń, owiec, kóz, koni, zwierząt futerkowych i drobiu). Przyczyną intensyfikacji analiz cytogenetycznych u świń były sygnały, świadczące o wyraźnie niekorzystnym wpływie nieprawidłowości kariotypu na płodność nosicieli [140]. U świń zarejestrowano nasilenie powstających *de novo* translokacji wzajemnych, powodujących obniżenie płodności nosicieli na poziomie 5% – 100%. Badania cytogenetyczne nabierają coraz większego znaczenia ze względu na stosowanie inseminacji u trzody chlewnej. Obecnie inseminacją objęte jest około 35% krajowego pogłowia loch. Inseminacja powoduje znaczny wzrost wykorzystania możliwości rozrodczych samców. Powinno to spowodować zaostrożenie kryteriów selekcji materiału ojcowskiego. Stąd ocena prawidłowości kariotypu powinna stanowić jedno z kryterium oceny rozplodników. Pozwoliłoby to na eliminację osobników obarczonych anomaliami chromosomowymi, a tym samym ograniczyłoby ich rozprzestrzenianie w populacji potomstwa.

Prawidłowy kariotyp świni zawiera 38 chromosomów, w tym dwa chromosomy płci u loch XX i u knurów XY. Ze względu na położenie centromeru występuje: 6 par chromosomów metacentrycznych (pary 5, 8, 9, 10, 11, 12), 6 par submetacentrycznych (pary 1, 2, 3, 4, 6, 7) oraz 6 par akrocentrycznych (pary 13, 14, 15, 16, 17, 18). Chromosom X jest metacentryczny o długości zbliżonej do pary dziewiątej, a chromosom Y jest najmniejszym metacentrykiem w całym kariotypie [155]. W dziesiątej parze chromosomów widoczne są przewężenia wtórne, w których zlokalizowany jest obszar jąderkotwórczy NOR. Na ramionach krótkich chromosomów pary ósmej występuje – w regionie przycentromerowym – również przewężenie wtórne. Jest ono z reguły mniejsze niż w parze dziesiątej [32, 45, 46]. Wszelkie odstępstwa od liczby i struktury chromosomów charakterystycznej dla danego gatunku noszą nazwę aberracji chromosomowych.

Przodkiem świni domowej jest dzik. U dzików europejskich obserwuje się często zjawisko polimorfizmu liczby chromosomów. Związane jest ono z występowaniem w kariotypie zmian w postaci fuzji centrycznych, co wyraża się obecnością w populacji zwierząt trzech różnych diploidalnych zestawów chromosomów: $2n = 36$, $2n = 37$ oraz $2n = 38$. Wśród pięciu dzików pochodzących z jednego miotu stwierdzono; jednego knurka o kariotypie 38,XY, dwie loszki o kariotypie 37,XX t.rob. 15;17, jednego knurka 37,XY t.rob. 15;17 (heterozygota) oraz jednego knurka 37,XY t.rob. 15;17 (homozygota). Obserwowane kariotypy świadczyły o tym, że rodzice badanych zwierząt byli heterozygotycznymi nosicielami translokacji Robertsona (t.rob.) 15;17 [125]. Identyczną fuzję u dzików obserwowali Mayr i wsp. [103].

1.3.1. Aberracje chromosomowe

Przyczyną obniżenia płodności u osobników obarczonych zmianami chromosomowymi są zaburzenia przebiegu gametogenezy, co wpływa na przedimplantacyjną śmiertelność zarodków o niezrównoważonym kariotypie. Chromosomy tworzące zmienione struktury, takie jak tri- lub tetrawalenty, ulegają nieprawidłowemu rozdziałowi, w wyniku czego powstają aneuploidalne gamety. Po połączeniu takiej wadliwej gamety z prawidłową powstaje zygota o niezrównoważonym kariotypie. Rozwijający się z niej zarodek zamiera we wczesnym stadium rozwoju embrionalnego, co u świń powoduje zmniejszenie liczby prosiąt w miotach [148]. Stwierdzono, że na 197 zarodków świńskich w wieku 4 dni 17,7% było dotkniętych anomaliami chromosomowymi (12,2% – haploidie, 2,5% – hiperhaploidie, 2% – triploidie, 1% – tetraploidie). Częstość występowania diploidalnych form oocytów drugiego rzędu u świń szacowana jest na 14,2%, natomiast częstość występowania plemników z anomaliami chromosomowymi jest niższa. Stąd szacowana częstość występowania anomalii chromosomowych u świń waha się w granicach 5-17,8%. Duża rozpiętość wyników spowodowana jest prawdopodobnie faktem, że często badaniami obejmuje się stosunkowo niewielką liczbę zarodków [88].

Mutacje strukturalne powstają w wyniku pęknięć chromosomów, których częstość istotnie wzrasta pod wpływem mutagennych czynników środowiskowych. Liczne badania dowodzą, że genom świni jest znacznie mniej odporny na uszkodzenia spowodowane oddziaływaniem środowiska niż genomy innych zwierząt gospodarskich [19]. Rubeš [134] oznaczał częstość niestabilnych aberracji strukturalnych chromosomów w limfocytach krwi obwodowej trzech różnych populacji, przebywających w trzech różnych środowiskach. Były to zwierzęta typowego stada zarodowego (1), eksperymentalne świnię miniaturowe (2) i osobniki z tuczarni (3). W populacjach tych określono liczbę komórek z aberracjami w stu badanych metafazach. W grupie pierwszej obserwowano średnio 3,66 komórek z aberracjami, w drugiej – 3,12, natomiast w trzeciej najwięcej – 6,50.

Należy podkreślić, że zjawisko niestabilności genomu w świetle ostatnich badań nabiera szerszego znaczenia. Wyniki tych doświadczeń wykazują związek pomiędzy określonymi miejscami łamliwymi chromosomów a mechanizmem powstawania nowych dynamicznych mutacji genowych, co powoduje wzrost liczby powtórzeń niestabilnych trójnukleotydowych sekwencji DNA. Zależności między łamliwością chromosomów, ekspansją niestabilnych tripletów oraz mutacjami dynamicznymi i ich ekspresją nie są jeszcze do końca poznane. Specyficzne zmiany struktury chromosomów i DNA w niestabilnych regionach genomu można będzie wykorzystać jako markery odpowiedzialne za obniżenie żywotności, płenności, zdrowotności i potencjału produkcyjnego zwierząt gospodarskich [19].

U zwierząt o obniżonej płodności ujawniono szczególnie łamliwe regiony chromosomu X. Efekt ten może być związany z predyspozycją do niestabilności i defektów strukturalnych niektórych regionów chromosomów zawierających loci, warunkujące cechy reprodukcyjne [20]. Szczególna niestabilność chromosomów zwierząt z zaburzeniami rozrodu, przede wszystkim loci w obrębie chromosomu X, może być przyczyną nieodpowiedniej ekspresji genów determinujących cechy reprodukcyjne, jak również podwyższonego wskaźnika aneuploidalnych komórek rozrodczych i związanej z tym śmiertelności prenatalnej i okołoporodowej [21].

Do 1980 roku opisano cztery przypadki translokacji wzajemnych, a w 1992 roku znano już 43 [153]. Część tych przypadków opisano jako powstałe „*de novo*”. Warto

podkreślić, że nosiciele tych nieprawidłowości poszukiwano i znajdowano wśród zwierząt wykazujących znaczne obniżenie płodności. Oczywiście nowo powstałe translokacje są przekazywane potomkom, którzy stają się ich nosicielami [142, 157].

U świń najczęściej spotykanymi aberracjami chromosomowymi są translokacje wzajemne, polegające na wymianie fragmentów chromosomów dwóch różnych par (aberracje strukturalne). Opisano ponad 60 tego typu translokacji z udziałem chromosomów wszystkich par. Jednakże nie zaobserwowano żadnych tendencji rasowych pod względem częstości występowania translokacji wzajemnych. Translokacje wzajemne niezrównoważone w większości przypadków powstają spontanicznie w wyniku pęknięć chromosomów powodując obniżenie płodności, gdyż zarodki mające nadmiar lub niedobór materiału genetycznego zamierają, co zmniejsza liczebność miotów. Natomiast osobniki obciążone translokacją wzajemną zrównoważoną rozwijają się normalnie. Jako nosiciele tych defektów genetycznych szybko je rozprzestrzeniają w populacji. Nosiciele translokacji wzajemnej charakteryzują się prawidłowym pokrojem, a knury prawidłowymi parametrami nasienia. Z danych literaturowych wynika, że translokacje wzajemne obniżają płodność od 5 do 100%, najczęściej o 50% [155]. Skutki ich zależą od morfologii zaangażowanych w nie chromosomów, lokalizacji punktów pęknięć i wielkości przemieszczonych odcinków. Liczne translokacje wzajemne u świń, które już opisano w pracach [18, 23, 25, 26, 126, 145], umożliwiają porównanie jak często chromosomy z różnych par uczestniczą w aberracjach. Spośród opisanych translokacji najczęściej brały w nich udział chromosomy par 1, 15, 14, 7 i 4 [30, 155]. Udział chromosomów w translokacjach zależy od ich podatności na pęknięcia. W chromosomach mogą występować miejsca szczególnie podatne na pęknięcia, a częstość z jaką poszczególne chromosomy uczestniczą w aberracjach chromosomowych nie zawsze odzwierciedla losowy charakter tych zjawisk [155].

Fuzja centryczna (translokacja Robertsona) polega na połączeniu się w centromerze dwóch chromosomów akrocentrycznych pochodzących z różnych par. Jest to dziedzicząca się anomalia. Konsekwencją jest obniżenie diploidalnej liczby chromosomów ($2n$) oraz pojawienie się w kariotypie osobnika chromosomu meta- lub submetacentrycznego w miejsce dwóch chromosomów akrocentrycznych, przy czym ogólna liczba ramion chromosomów pozostaje niezmienną [139]. Badania przeprowadzone przez szereg autorów [31, 39, 40, 41, 42, 128, 129, 155] wskazują na obniżoną płodność świń poprzez obniżenie liczby prosiąt urodzonych i żywo urodzonych w miocie niezależnie od tego, czy anomalią kariotypu była dotknięta locha czy knur. Obserwowano także gorszy rozwój prosiąt, które odziedziczyły nieprawidłowości kariotypu po rodzicach.

Inwersja pericentryczna obserwowana w pierwszej i ósmej parze chromosomów wśród loch i knurów nie powodowała obniżenia płodności [17, 145]. Inwersja paracentryczna w 8 chromosomie (p11;p12) obserwowana u knura spowodowała natomiast podzielenie organizatora jąderkotwórczego na dwa segmenty. U osobnika tego obserwowano obniżenie popędu płciowego i obniżoną płodność [156, 158].

Nieprawidłowości chromosomowe (poliploidy, aneuploidy, przerwanie chromatyd, translokacje wzajemne, translokacje robertsonowskie oraz kruche miejsca) powodują u zwierząt aspermię, nekrospermię, zмумifikowane embriony, potomstwo niekształcone, poronienia, mało liczne mioty i obniżone libido [80].

Dodatkowym efektem aberracji strukturalnych może być tzw. efekt pozycji genu, gdyż w wyniku przemieszczania się fragmentów chromosomowych zmienia się sąsiedztwo genów. Jeżeli na gen oddziałują inne poprzedzające go sekwencje, odpowiedzialne za jego ekspresję, może to doprowadzić do zaburzenia jego ekspresji [146, 155]. Jed-

nakże nie zawsze tak się dzieje. Badano ekspresję i crossing over genów łańcuchów ciężkich immunoglobulin u świń z translokacją rcp (7:13)(q13;q46). Analizami objęto 13 knurów i 11 loszek rasy duroc. Potomstwo pochodziło z czterech kojarzeń – w każdym jeden z rodziców posiadał wymienioną wyżej translokację. Chromosomy z translokacją odziedziczyło 11 potomków. Ekspresję genów immunoglobulin przemieszczonych na chromosom 13 pary porównano z ekspresją tych samych genów grupy kontrolnej, którą stanowiło rodzeństwo bez translokacji. Stwierdzono, że u osobników z translokacją analizowane geny wykazują taką samą ekspresję zarówno z chromosomów pary trzynastej, jak i siódmej [171].

1.3.2. Struktury polimorficzne w chromosomach świń

Polimorfizm heterochromatyny konstytutywnej zlokalizowanej głównie w centromerach obserwowany jest głównie w chromosomach akrocentrycznych od 13 do 18 pary w formie hetero- i homozygotycznej. Istnieje przypuszczenie, że polimorfizm ten ma wpływ na płodność. Należy podkreślić, że polimorfizm jest zjawiskiem stosunkowo częstym, a jego nosiciele mogą stanowić nawet 30-40% badanej populacji. Polimorfizm ten obserwowano z różną częstością w chromosomach par od 13 do 18. Najczęściej występuje on w parach 16 i 18. Polimorficzne prążki C mogą być wykorzystane do charakterystyki rasy. Stwierdzono, że warianty polimorficzne heterochromatyny centromerowej dziedziczą się według praw Mendla. Oszacowano także częstość występowania polimorficznych form heterochromatyny centromerowej u świń ras pbz, duroc, pietrain, wbp oraz linii syntetycznych 990 i 890, a także stopień heterozygotyczności dla tych ras i linii, wykazując, że największe zróżnicowanie pod względem polimorficznych regionów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych wystąpiło w rasie pbz. Oceną polimorfizmu wielkości bloków heterochromatyny centromerowej zajmowało się szereg badaczy [3, 4, 15, 83, 141, 143, 147, 152, 159, 161].

Następnymi strukturami obserwowanymi w chromosomach świń są regiony jąderkotwórcze występujące w 8 i 10 parze. Badania wykazały, że w obrębie gatunku występować może zmienność liczby wysrebrzających się obszarów NOR, a różnice obserwowane są między rasami. Zróżnicowanie liczby ujawnionych NOR zależy od ich aktywności transkrypcyjnej, stąd nie wszystkie NOR ujawniają się jednocześnie. U świń stosunkowo często sygnały na 10 parze są silniejsze niż na 8 parze chromosomów. Regiony jąderkotwórcze charakteryzuje polimorfizm wielkości, który spełnia warunki stawiane markerom genetycznym – jest to szczególna forma markerów, tzw. markery chromosomowe. Obserwowano zróżnicowany stopień polimorfizmu NOR pod względem ilości oraz wielkości w poszczególnych parach chromosomów zależnie od rasy świń. Analiza polimorfizmu wielkości bloków centromerowej chromatyny konstytutywnej może posłużyć jako źródło markerów genetycznych. Wyniki analiz polimorfizmu obszarów heterochromatyny konstytutywnej i regionów jąderkotwórczych sugerują, że są one markerowe i mogą być wykorzystane do analizy sprzężeń i mapowania genów, warunkujących cechy gospodarczo użyteczne. Zauważone tendencje rasowe występowania polimorfizmu wielkości regionów markerowych skłaniają do uwzględnienia tych wyników w wyborze indywidualnych markerów chromosomowych dla określonych ras zwierząt. Problemem tym zajmowało się wielu autorów [13, 14, 22, 24, 104, 121, 141, 144, 158, 160, 162, 163].

1.3.3. Kariotypy świń obojnych

Obojnacza budowa układu rozrodczego u świń może odbywać się w obecności kariotypu 38,XX, 38,XY lub 38,XX/38,XY (chimeryzm limfocytarny) [120]. Wśród świń o obojnej budowie układu rozrodczego stwierdzono rzadki przypadek knura pseudohermafrodytycznego, który posiadał w swoim kariotypie 69% komórek 38,XX i 31% komórek 38,XY oraz trzy samice – dwie wykazywały chimeryzm leukocytny a trzecia miała kariotyp 38,XX [165].

Chimeryzm leukocytny diagnozowany jest także u interseksualnych świń o kariotypie 38,XX/38,XY. U świń obecność w krwi dwóch populacji komórek o różnym zestawie chromosomów płciowych jest wskaźnikiem bezpłodności nosicielek, spowodowanej niedorozwojem żeńskich narządów płciowych. Badania anatomiczne takich zwierząt wykazały obecność u samic zawiązków jąder, najądrzy i kanalików nasiennych [124].

Interseksy świń mogą posiadać kariotyp żeński 38,XX, natomiast w fenotypie pojawiają się jądropodobne gonady. Ogólnie charakteryzuje się je jako pseudohermafrodytyczne samce. Obecność interseksów w stadach hodowlanych waha się od 0,1 do 0,6%, przy czym wynik ten jest prawdopodobnie zaniżony ze względu na trudności w wykrywaniu niektórych defektów płci.

1.3.4. Wpływ nieprawidłowości kariotypu na wyniki ekonomiczne

Nieprawidłowości kariotypu u świń będące przyczyną obniżonej płodności powodują znaczne straty ekonomiczne. Użytkowanie jednego knura obciążonego translokacją wzajemną w inseminacji może powodować straty, szacowane w różnych krajach, od 6000 do 25000 USD. Jednakże koszty globalne są znacznie wyższe, gdyż należałoby uwzględnić okres użytkowania potomstwa tego knura [123, 142].

Rezultaty kalkulacji ekonomicznych przeprowadzonych w krajach, gdzie obowiązują już centralne systemy kontroli cytogenetycznej, sugerują konieczność wprowadzenia oceny kariotypu jako dodatkowego kryterium selekcji, uwzględnianego w krajowym systemie doskonalenia trzody chlewnej oraz objęcia krajowym systemem kontroli cytogenetycznej grupy knurów zarodowych wykazujących tendencję do produkcji miotów o niższej liczebności prosiąt, a także eliminacji z hodowli zarodowej osobników obciążonych aberracjami chromosomowymi. Czasochłonność oceny kariotypu świń, opartej na precyzyjnych i niejednokrotnie drogich technikach, przekracza możliwości poddania analizie cytogenetycznej wszystkich knurów i loch przeznaczonych do rozrodu. Ze względu na te trudności oceną kariotypu proponuje się objąć knury zarodowe produkujące średnio mniej niż 8 prosiąt w kolejnych miotach (nie mniej niż 6 miotów) oraz lochy zarodowe dające w 3 kolejnych miotach o 30% prosiąt mniej niż średnia rasy.

1.4. Cel pracy

Doskonalenie cech rozrodczych loch, które należą do cech charakteryzujących się niskimi wskaźnikami odziedziczalności, wymaga poznania wpływu genotypu określonych genów na wyniki użytkowości rozrodczej.

Celem niniejszej pracy jest:

- identyfikacja polimorfizmu fragmentów genów *RYRI*, *ESR*, *CYP21*, *IGFIR*, jak również polimorfizmu chromosomów i struktur polimorficznych występujących w kariotypie świń,

- dokonanie charakterystyki genetycznej badanych grup świń poprzez określenie częstości występowania genotypów i alleli,
- określenia stopnia heterozygotyczności,
- ustalenie równowagi genetycznej zgodnie z regułą Hardy'ego-Weinberga.

Celem pracy było również ustalenie, czy średnie wartości badanych cech charakteryzujących użytkowość rozrodczą loch zarodowych, należących do dwóch ras (pbz i wbp) z różnymi formami polimorficznymi genów różnią się od siebie istotnie, a więc czy badane polimorfizmy mogą być wykorzystane w selekcji zwierząt jako markery genetyczne cech użytkowości rozrodczej świń.

2. MATERIAŁ I METODY BADAŃ

2.1. Materiał zwierzęcy

Badaniami objęto ogółem 333 lochy dwóch ras matecznych, w tym 160 rasy polskiej białej zwisłouchiej (pbz) i 173 rasy wielkiej białej polskiej (wbp). Badane osobniki pochodziły z 12 stad zarodowych (6 stad rasy pbz, 6 stad rasy wbp) znajdujących się na terenie województwa kujawsko-pomorskiego i będących pod kontrolą Polskiego Związku Hodowców i Producentów Trzody Chlewnej POLSUS.

W badaniach uwzględniono następujące cechy charakteryzujące rozród loch:

- wiek pierwszego i kolejnych oproszeń,
- liczbę prosiąt żywo urodzonych od pierwszego do szóstego miotu,
- liczbę prosiąt w wieku 21 dni od pierwszego do szóstego miotu,
- okresy międzymiotów.

Ogółem przeanalizowano dane dotyczące 1352 miotów, w tym od loch:

- rasy pbz – 654 mioty (1 miot – 160, 2 miot – 145, 3 miot – 123, 4 miot – 98, 5 miot – 74 i 6 miot – 54),
- rasy wbp – 698 miotów (1 miot – 173, 2 miot – 155, 3 miot – 127, 4 miot – 100, 5 miot – 81 i 6 miot – 62).

Badane lochy urodziły się w następujących latach: 1997 (1 locha rasy wbp), 1998 (6 pbz i 6 wbp), 1999 (12 pbz i 21 wbp), 2000 (27 pbz i 26 wbp), 2001 (48 pbz i 43 wbp), 2002 (52 pbz i 64 wbp) oraz 2003 (15 pbz i 12 wbp).

2.2. Badania molekularne

Materiał badawczy stanowiła krew, pobrana z żyły jarzmowej do probówek zawierających K₃EDTA jako antykoagulant, od 333 loch w tym 160 rasy pbz i 173 rasy wbp. Do izolowania DNA użyto zestawu odczynników firmy Epicentre Technologies Master Puree, uzyskując koncentrację DNA 75-85 µg/ml. Średnia czystość wyizolowanego DNA wynosiła około 90%.

Polimorfizm genów *RYRI*, *ESR*, *CYP21* i *IGF1R* identyfikowano metodą PCR – RFLP, wykorzystując termocykler firmy BIOMETRA.

2.2.1. Identyfikacja polimorfizmu genu *RYRI*

Amplifikowano fragment DNA długości 134 pz stosując startery według Breninga i Brema [61]: F 5'-GTGCTGGATGTCCTGTGTTCCCTG-3' oraz R 5'-CTGGTGACA TAGTTGATGAGGTTT-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono wykorzystując profil termiczny: 94°C przez 7 minut, 35 cykli 94°C – 60 s, 59°C – 60 s, 72°C – 40 s, zakończenie syntezy przez 7 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *Hin6I* (*HhaI*) (MBI FERMENTAS) przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 3% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) w obecności bromku etydyny, które analizowano w świetle UV. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne: 134 pz –

genotyp *TT*, 84 i 50 pz – genotyp *CC* oraz 134, 84 i 50 pz – genotyp *CT*, które identyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [33, 61].

2.2.2. Identyfikacja polimorfizmu genu *ESR*

ESR/PvuII

Amplifikowano fragment 120 pz stosując startery F 5'-CCTGTTTTTACAGTGACTTTTACAGAG-3' oraz R 5'-CACTTCGAGGGTCAGTCCAATTAG-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono wykorzystując profil temperaturowy: 94°C przez 5 minut, 35 cykli 94°C – 40 s, 55°C – 60 s, 72°C – 40 s, zakończenie syntezy przez 5 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *PvuII* (MBI FERMENTAS) przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 4% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) z dodatkiem bromku etydyny, a następnie analizowano w świetle UV. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne 120 pz – genotyp *AA*, 65 i 55 pz – genotyp *BB* oraz 120, 65 i 55 pz genotyp *AB*, które identyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [62].

ESR/AvaI

Amplifikowano fragment DNA długości 185 pz wykorzystując sekwencje starterowe [29] F 5'-CCCTCTATGACCTGCTGCTG-3' oraz R 5'-TCAGATTGGTGGGGAAGTTC-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono wykorzystując następujący profil termiczny: 94°C przez 5 minut, 30 cykli 94°C – 30 s, 60°C – 60 s, 72°C – 30 s, zakończenie syntezy przez 5 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *AvaI* (MBI FERMENTAS) przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 3,5% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) w obecności bromku etydyny, które analizowano w świetle UV. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne: 109 i 76 pz – genotyp *WW*, 109, 62 i 47 pz – genotyp *WM* oraz 76, 62 i 47 pz – genotyp *MM*, które identyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [57, 72, 164].

ESR/MspA1I

Amplifikowano fragment DNA o długości 171 pz wykorzystując sekwencje starterowe [29] : F 5'-CCCTCTATGACCTGCTGCTG-3' oraz R 5'-GGAAGTTCTCCGCCTCCGC-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono opierając się na następującym profilu termicznym: 94°C przez 5 minut, 35 cykli 94°C – 30 s, 58°C – 60 s, 72°C – 30 s, zakończenie syntezy przez 7 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *MspA1I* (MBI FERMENTAS) przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 3,5% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) w obecności bromku etydyny, a następnie analizowano w świetle UV. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne: 98, 55 i 18 pz – genotyp *AA*, 98 i 73 pz – genotyp *BB* oraz 98, 73, 55 i 18 pz – genotyp *AB*, które identyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [29].

2.2.3. Identyfikacja polimorfizmu genu *IGF1R*

Amplifikowano fragment 379 pz stosując startery F 5'-AG TATCTCTACCGGCAT AA-3' oraz R 5'-TCTCGAAGACCTTGCGGTACT-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono wykorzystując następujący profil temperaturowy: 95°C przez

100 s, 36 cykli 94°C – 30 s, 53°C – 30 s, 72°C – 40 s, zakończenie syntezy przez 7 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *ASCI* (*Cfr42I*) (MBI FERMENTAS) przez okres 3 godzin w temperaturze 37°C. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 2% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) w obecności bromku etydyny, które analizowano w świetle UV. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne: 379 pz – genotyp *AA*, 235 i 144 pz – genotyp *BB* oraz 379, 235 i 144 pz – genotyp *AB*, które zidentyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [76].

2.2.4. Identyfikacja polimorfizmu genu *CYP21*

Amplifikowano fragment 1271 pz stosując startery [75] F 5'-TGGCAGGCCTAC TGAGTTCA-3' oraz R 5'-GCAGACGCAGCACCTCAGCAATG-3' (PROLIGO Primers and Probes). Reakcję PCR prowadzono wykorzystując następujący profil: 95°C – 2 minuty, 35 cykli 95°C – 60 s, 62°C – 60 s, 72°C – 90 s, zakończenie syntezy przez 7 minut w temperaturze 72°C. Produkt PCR poddano działaniu enzymami restrykcyjnymi *HaeIII* i *NciI* (MBI FERMENTAS) przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Przeprowadzono elektroforezę w 2% żelu agarozowym (Agaroz ultra pure Gibco BRL) w obecności bromku etydyny, a otrzymane fragmenty restrykcyjne analizowano w świetle UV. Obecność w żelu agarozowym fragmentów restrykcyjnych o określonej długości pozwoliła na identyfikację występującego polimorfizmu oraz genotypów:

- po zastosowaniu enzymu restrykcyjnego *HaeIII*: 448 pz – genotyp *AA*, 350 i 98 pz – genotyp *BB* oraz 448, 350 i 98 pz – genotyp *AB*,
- po zastosowaniu enzymu restrykcyjnego *NciI*: 205 i 42 pz – genotyp *AA*, 205, 150, 55 i 42 pz – genotyp *AB* oraz 150, 55 i 42 pz – genotyp *BB*.

Otrzymane fragmenty restrykcyjne zidentyfikowano wykorzystując marker długości DNA pUC19/*MspI* – 3 [73, 75, 175].

2.2.5. Analiza polimorfizmu genetycznego

Opierając się na zidentyfikowanym polimorfizmie fragmentów genów *RYRI*, *ESR*, *CYP21*, *IGF1R* określono częstości występowania genotypów i alleli oraz ustalono równowagę genetyczną zgodnie z regułą Hardy'ego-Weinberga dla badanych grup świń uwzględniając rasę zwierząt oraz stado, w którym były utrzymywane [12]. Do weryfikacji zgodności rozkładu frekwencji genotypów zgodnie z regułą Hardy'ego-Weinberga wykorzystano test χ^2 [135]. Obliczono współczynnik heterozygotyczności dla każdego z badanych miejsc restrykcyjnych w oparciu o wzory podane przez Charon i Świtońskiego [12] uwzględniając rasę zwierząt oraz stado. Określono wielkość dystansu genetycznego między grupami rasowymi zwierząt dla każdego badanego miejsca restrykcyjnego wykorzystując wzory podane przez Avisego [2].

2.3. Otrzymywanie preparatów chromosomów metafazowych

Materiał badawczy stanowiła krew pobrana z żyły jarmowej do probówek zawierających heparynę litową od 40 loch – 20 osobników rasy pbz i 20 rasy wbp.

Hodowlę limfocytów prowadzono na podłożu RPMI 1640 (Wytwórnia Surowic i Szczepionek BIOMED Lublin) z dodatkiem antybiotyków penicyliny i streptomycyny (Polfa Tarchomin). Następnie dodawano 0,5 ml roztworu LF 7 (przygotowanego zgod-

nie z instrukcją) produkcji BIOMED Kraków. Do 8 ml tak przygotowanego podłoża dodawano 1 ml surowicy cielęcej (Wytwórnia Surowic i Szczepionek BIOMED Lublin), mieszano i dodawano 1 ml krwi konserwowanej heparyną litową. Całość ponownie mieszano i wstawiano do cieplarki (temperatura 38°C) na 70 godzin, a następnie do każdej hodowli dodawano po 1 kropli roztworu kolchicyny o stężeniu 0,25 mg·cm⁻³.

Hodowle limfocytów wstawiano ponownie do cieplarki na dwie godziny, po czym poddawano szokowi osmotycznemu w 0,05 M roztworze KCl (POCh) i temperaturze 38°C przez 20 minut. Zawiesinę komórek utrwalano kilkakrotnie stosując płyn Carnoya (mieszanka kwasu octowego lodowatego i alkoholu metylowego w stosunku 1:3), do uzyskania jasnych osadów. Po ostatnim dodaniu utrwalacza całość wstawiano do zamrażarki (na minimum dwie godziny). Zawiesinę komórek nanoszono na szkiełka mikroskopowe uzyskując preparaty płytek metafazowych [139, 153].

2.4. Barwienie i analiza chromosomów metafazowych

2.4.1. Barwienie chromosomów barwnikiem Giemsy

Płytki metafazowe barwiono przez 20 minut w 10% barwniku Giemsy, rozcieńczonym wodą destylowaną z dodatkiem buforu fosforanowego w stosunku 9:1 o pH 6,8. Następnie preparaty płukano w wodzie destylowanej i suszono w temperaturze pokojowej [139, 153].

2.4.2. Barwienie prążków GTG

Identyfikacji par chromosomów dokonano opierając się na metodzie uzyskiwania prążków G zgodnie z metodyką podaną przez Wanga i Fedoroffa (1972). Przed wykonaniem prążków G preparaty postarzano przez trzy tygodnie w cieplarni w temperaturze 37°C.

Prążki G uzyskano poprzez trawienie 0,1% roztworem trypsyny w mieszaninie wersenianu i buforu GKN (glukoza, KCl, NaCl, NaHCO₃). Czas trawienia dla każdego preparatu dobierano indywidualnie od 30 do 120 sekund. Po wysuszeniu preparaty barwiono przez 20 minut w 5% roztworze Giemsy w buforze fosforanowym o pH 6,8. Preparaty płukano w wodzie destylowanej i suszono w temperaturze pokojowej [139, 153].

2.4.3. Barwienie prążków C

Preparaty zanurzano na 1 godzinę w 0,2 M HCl w temperaturze pokojowej, a następnie opłukano wodą dejonizowaną. Kolejnym etapem było umieszczenie preparatów mikroskopowych w świeżo przygotowanym 5% wodnym roztworze Ba(OH)₂ x 8 H₂O w 50°C na 15 minut. Po tym czasie preparaty przemyto kilkakrotnie wodą dejonizowaną, a następnie inkubowano przez 1 godzinę w roztworze 2 x SSC (roztwór chlorku sodu i cytrynianu sodu) w cieplarni w temperaturze 60°C. Ponownie preparaty opłukano wodą dejonizowaną i pozostawiono do wyschnięcia. Następnie suche preparaty barwiono przez 1 godzinę roztworem Giemsy. Mieszaninę barwiącą stanowiło 61 ml roztworu A (23,876 g Na₂HPO₄ x 12 H₂O w 1 litrze H₂O), 39 ml roztworu B (9,07 g KH₂PO₄ w litrze H₂O) oraz 5 ml 10% roztworu Giemsy [139, 153].

2.4.4. Barwienie Ag-NOR

Wybrane preparaty mikroskopowe pokryto 50% roztworem AgNO_3 i nałożono szkiełka nakrywkowe. Preparaty umieszczono w naczyniu spełniającym rolę komory wilgotnej, szczelnie owijając folią aluminiową. Preparaty inkubowano przez 24-26 godzin w temperaturze 38°C , następnie płukano pod bieżącą wodą i suszono na powietrzu. Po wysuszeniu preparaty barwiono przez 20 minut w 5% roztworze Giemsa w buforze fosforanowym o pH 6,8, płukano w wodzie destylowanej i suszono w temperaturze pokojowej [139, 153].

2.4.5. Analiza obrazu płytek metafazowych

Obrazy z mikroskopu Nikon transmitowano na ekran monitora. Preparaty analizowano w mikroskopie świetlnym przy powiększeniu 1250x. Wykorzystując możliwości komputerowego programu MultiScan – Karyotype analizowano obrazy płytek metafazowych. Dokumentację stanowią wydruki komputerowe zawierające obrazy płytek metafazowych oraz ułożone na ich podstawie kariogramy [84].

Występowanie i brak regionów heterochromatyny centromerowej w chromosomach homologicznych oznaczono odpowiednio symbolami „+” i „-”. W celu uzyskania lepszego obrazu zastosowano funkcję mediany oraz filtrów wystrząających. Pomiar wielkości heterochromatyny centromerowej wykonywano wykorzystując funkcję „powierzchnia”. Określono względną wielkość bloków heterochromatyny, przez odniesienie ich wielkości (μm^2) do powierzchni całego chromosomu (μm^2).

Pomiary zapisano w programie Microsoft Excel, za pomocą którego obliczano procentowy udział heterochromatyny dla każdego z chromosomów akrocentrycznych (13-18) według następującego wzorca:

$\% \text{ udział heterochromatyny w chromosomie} = [\text{średnia powierzchnia centromeru} (\mu\text{m}^2) / \text{średnia powierzchnia chromosomu} (\mu\text{m}^2)] \times 100\%$

Pomiary wielkości chromosomów wykonano minimum w dziesięciu płytkach metafazowych wykorzystując funkcję „powierzchnia” i zapisano w programie Microsoft Excel. Obliczono średnie wielkości chromosomów płci i autosomów (μm^2).

Względną wielkość powierzchni chromosomów płci (%) oraz udział heterosomów (%) obliczono według następujących wzorów:

$\text{Względną wielkość chromosomów płci} = [\text{suma powierzchni heterochromosomów} (\mu\text{m}^2) / \text{suma powierzchni autosomów} (\mu\text{m}^2)] \times 100\%$

$\text{Udział chromosomów płci} = [\text{suma powierzchni heterochromosomów} (\mu\text{m}^2) / \text{suma powierzchni autosomów i heterochromosomów} (\mu\text{m}^2)] \times 100\%$

Uzyskane wyniki (będące średnią z minimum 10 pomiarów) analizowano między osobnikami w obrębie rasy. Określono: średnią arytmetyczną (\bar{x}) i odchylenie standardowe (S_x) dla badanych cech chromosomów.

2.5. Analiza statystyczna

Dane liczbowe opracowano przeprowadzając charakterystykę statystyczną cech dotyczących użytkowania rozplodowego loch analizowanych dwóch ras matecznych za pomocą programu SAS, w oparciu o procedurę MEANS (SAS program).

Wpływ badanych czynników na cechy reprodukcyjne określono za pomocą wieloczynnikowej analizy wariancji metodą najmniejszych kwadratów. W tym celu wykorzystano procedury GLM programu SAS.

Analizy cech reprodukcyjnych loch przeprowadzono wykorzystując następujący model:

$$Y_{ijklprstzw} = \mu + a_i + b_j + c_k + d_l + i_p + k_s + l_t + m_w + n_z + bc_{jk} + bd_{jl} + bi_{jp} + bj_{jr} + bk_{js} + bl_{jt} + e_{ijklprstzw}$$

gdzie:

μ	– średnia ogólna
a_i	– efekt i-tej rasy (1 – pbz, 2 – wbp)
b_j	– efekt j-tego genotypu <i>RYRI</i> (1 – NN, 2 – Nn)
c_k	– efekt k-tego genotypu <i>ESR/PvuII</i> (1 – AA, 2 – AB, 3 – BB)
d_l	– efekt l-tego genotypu <i>ESR/AvaI</i> (1 – WW, 2 – WM, 3 – MM)
i_p	– efekt p-tego genotypu <i>ESR/MspAII</i> (1 – AA, 2 – AB, 3 – BB)
j_r	– efekt r-tego genotypu <i>IGF1R</i> (1 – AA, 2 – AB, 3 – BB)
k_s	– efekt s-tego genotypu <i>CYP21/NciI</i> (1 – AA, 2 – AB, 3 – BB)
l_t	– efekt t-tego genotypu <i>CYP21/HaeIII</i> (1 – AA, 2 – AB, 3 – BB)
m_w	– efekt w-tego stada (od 1 do 6)
n_z	– efekt z-tego roku urodzenia lochy (od 1997 do 2003)
$(bc)_{jk}$, $(bd)_{jl}$, $(bi)_{jp}$	– interakcje między genotypem <i>RYRI</i> a genotypami <i>ESR</i>
$(bj)_{jr}$	– interakcje między genotypem <i>RYRI</i> a genotypem <i>IGF1R</i>
$(bk)_{js}$, $(bl)_{jt}$	– interakcje między genotypem <i>RYRI</i> a genotypami <i>CYP21</i>
$e_{ijklprstzw}$	– błąd losowy

Średnie obliczono metodą najmniejszych kwadratów (LSM), a istotności różnic weryfikowano testem Scheffego na poziomach $p \leq 0,05$ i $p \leq 0,01$. Ze względu na malejącą liczebności porównywanych grup loch o różnych genotypach, istotność różnic określono do czwartego miotu włącznie. Natomiast dla ras istotność różnic określono do szóstego miotu włącznie.

Otrzymane wyniki przedstawiono na 9 zdjęciach oraz zestawiono w 33 tabelach.

3. WYNIKI

3.1. Charakterystyka ras pbz i wbp pod względem analizowanych cech użytkowości rozrodzej

Lochy rasy pbz rodziły średnio w pierwszym miocie 11,53 żywych prosiąt, a lochy rasy wbp 10,96. Zmienność tej cechy u obu ras była zbliżona. Różnica w liczbie żywo urodzonych prosiąt przez lochy obu grup rasowych okazała się istotna statystycznie ($p \leq 0,01$). Porównując liczbę odchowanych prosiąt w pierwszym miocie przez matki obu ras stwierdzono niewielkie nieistotne statystycznie różnice (tab. 1 i 2).

Obserwowano liczniejsze drugie mioty u loch rasy pbz – 12,24 prosięcia – w porównaniu z lochami rasy wbp, które średnio rodziły 11,48 prosiąt w drugim miocie. Różnice te były statystycznie istotne ($p \leq 0,01$). Liczba odchowanych prosiąt do 21. dnia była bardziej zbliżona u obu ras i nie wykazywała istotnych statystycznie różnic. Większą zmienność w liczbie żywo urodzonych prosiąt obserwowano w drugim miocie loch rasy pbz, a w liczbie odchowanych do 21. dnia u loch rasy wbp (tab. 1, 2).

W trzecim miocie średnia liczba żywo urodzonych prosiąt w obu grupach rasowych loch okazała się zróżnicowana. Lochy rasy pbz miały liczniejsze mioty (12,57 prosiąt) niż lochy rasy wbp (11,93 prosiąt), a obserwowane różnice okazały się istotne statystycznie ($p \leq 0,01$). Zmienność pod względem tej cechy była bardzo zbliżona w obu badanych grupach rasowych. Lochy rasy pbz odchowały również średnio więcej prosiąt od loch rasy wbp, a różnice te okazały się istotne statystycznie (tab. 1, 2).

W czwartym miocie lochy rasy pbz okazały się lepsze pod względem liczby urodzonych prosiąt od loch rasy wbp, a obserwowane różnice były istotne statystycznie ($p \leq 0,01$). Mioty loch rasy pbz wykazywały jednak nieznacznie większą zmienność pod względem liczebności. Do wieku 21 dni więcej prosiąt odchowywały lochy rasy pbz (11,28 prosiąt) w porównaniu z lochami rasy wbp (10,88 prosiąt). Wielkości te różniły się w sposób istotny statystycznie. Większą zmienność w zakresie obu cech obserwowano w grupie loch rasy pbz (tab. 1, 2).

W kolejnym piątym miocie lochy rasy pbz zachowały swoją przewagę nad lochami rasy wbp pod względem liczby urodzonych i odchowanych prosiąt. Średnia liczba prosiąt urodzonych w piątym miocie przez lochy rasy pbz okazała się istotnie statystycznie większa w porównaniu z lochami rasy wbp. Obserwowano większą zmienność pod względem liczebności prosiąt w piątym miocie u loch rasy pbz. Zmienność pod względem liczby odchowanych prosiąt do 21. dnia życia była natomiast prawie identyczna w miotach pochodzących od loch obu ras (tab. 1, 2).

Nieznacznie liczniejsze szóste mioty pod względem liczby urodzonych prosiąt otrzymano od loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp i wynosiły odpowiednio średnio 12,19 i 11,87 prosięcia. Lochy rasy wbp odchowały jednak więcej prosiąt do wieku 21 dni, a mianowicie 11,12 prosiąt w porównaniu z 10,81 prosiąt odchowywanych średnio w miocie przez lochy rasy pbz. Obserwowane różnice okazały się nieistotne statystycznie (tab. 1, 2).

Tabela 1. Charakterystyka statystyczna cech reprodukcyjnych badanych loch ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp)
 Table 1. Statistical characteristics of reproduction traits in the sows analysed of the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) breeds

Cecha – Trait	Rasa – Breed					
	pbz – PL			wbp – PLW		
	n	\bar{x}	S _x	n	\bar{x}	S _x
I	2	3	4	5	6	7
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	160	343,18	33,10	173	352,47	45,47
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	160	11,53	1,41	173	10,96	1,12
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	160	10,72	1,08	173	10,53	1,12
Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	145	182,23	32,70	155	172,05	33,02
Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	145	526,94	51,94	155	519,63	47,62
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	145	12,24	1,53	155	11,48	1,33
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	145	11,06	1,04	155	10,98	1,15
Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	122	183,36	44,26	127	167,24	22,86
Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)	122	712,24	76,24	127	683,80	49,81
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	122	12,57	1,73	127	11,93	1,62
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	122	11,41	1,24	127	11,06	1,32
Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	99	184,01	46,17	100	168,47	33,25

cd. tabeli 1 – Table 1 continued

	1	2	3	4	5	6	7
	Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)	99	903,43	107,89	100	853,28	68,20
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	99	12,71	1,83	100	11,78	1,55
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	99	11,28	1,44	100	10,88	1,10
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	74	181,81	35,20	81	162,62	15,11
	Wiek w dniu piątego oproszenia (dni) Age at the fifth littering (in days)	74	1081,09	122,21	81	1008,14	63,08
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	74	12,20	1,59	81	11,74	1,20
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	74	11,18	0,97	81	10,95	0,95
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	54	172,98	26,26	62	168,48	34,50
	Wiek w dniu szóstego oproszenia (dni) Age at the sixth littering (in days)	54	1238,06	134,82	62	1168,89	71,90
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	54	12,19	1,36	62	11,87	1,37
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	54	10,81	0,89	60	11,12	1,09

n – liczba loch, \bar{x} – średnia, S_x – odchylenie standardowe
n – number of sows, \bar{x} – mean, S_x – standard deviation

Tabela 2. Porównanie loch ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp) pod względem analizowanych cech reprodukcyjnych
 Table 2. Polish Landrace (PL) versus Polish Large White (PLW) in terms of the reproduction traits analysed

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed	
			pbz – PL	wbp – PLW
	1	2	3	4
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	343,18 ^a 3,16	n = 160 352,47 ^a 3,04
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,53 ^A 0,10	10,96 ^A 0,09
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,72 0,10	10,53 0,10
			n = 145	n = 155
II miot 2 nd litter	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	182,23 ^A 2,73	172,05 ^A 2,64
	Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	LSM SE	526,94 ^a 3,15	519,63 ^a 3,00
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,24 ^A 0,12	11,48 ^A 0,12
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,06 0,09	10,98 0,10
III miot 3 rd litter	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	n = 122 183,36 ^A 3,17	n = 127 167,36 ^A 3,11
	Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)	LSM SE	712,24 ^A 4,59	683,80 ^A 3,93
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,57 ^A 0,15	11,93 ^A 0,15
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,41 ^a 0,12	11,06 ^a 0,11

cd. tabeli 2 – Table 2 continued

1		2		3		4	
				n = 99		n = 100	
IV miot 4 th litter	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni)	LSM		184,01 ^A		168,47 ^A	
	Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	SE		4,04		4,02	
I-IV miot Litters 1-4	Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni)	LSM		903,43 ^A		853,28 ^A	
	Age at the fourth littering (in days)	SE		3,89		4,25	
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych	LSM		12,69 ^A		11,78 ^A	
	Number of piglets born alive	SE		0,17		0,17	
I-IV miot Litters 1-4	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia	LSM		11,28 ^a		10,88 ^a	
	Number of piglets reared until day 21	SE		0,13		0,13	
I-IV miot Litters 1-4	Liczba prosiąt żywo urodzonych	LSM		49,30 ^A		46,64 ^A	
	Number of piglets born alive	SE		0,17		0,17	
I-IV miot Litters 1-4	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia	LSM		44,31 ^a		43,65 ^a	
	Number of piglets reared until day 21	SE		0,13		0,13	
				n = 74		n = 81	
V miot 5 th litter	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni)	LSM		181,81 ^a		162,62 ^a	
	Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	SE		4,55		5,00	
I-V miot Litters 1-5	Wiek w dniu piątego oproszenia (dni)	LSM		1081,09 ^A		1008,14 ^A	
	Age at the fifth littering (in days)	SE		3,66		3,16	
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych	LSM		12,20 ^a		11,74 ^a	
	Number of piglets born alive	SE		0,14		0,13	
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia	LSM		11,18		10,95	
	Number of piglets reared until day 21	SE		0,15		0,13	
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt żywo urodzonych	LSM		61,61 ^a		58,51 ^a	
	Number of piglets born alive	SE		0,14		0,13	
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia	LSM		55,54		54,57	
	Number of piglets reared until day 21	SE		0,15		0,13	

cd. tabeli 2 – Table 2 continued

	1	2	3	4
			n = 54	n = 62 (60)
		LSM	172,98 ^{aa}	168,48 ^{aa}
		SE	4,55	5,22
		LSM	1238,06 ^{aa}	1168,89 ^{aa}
		SE	3,13	4,00
VI miot		LSM	12,19	11,87
6 th litter		SE	0,15	0,13
		LSM	10,81	11,12
		SE	0,16	0,15
I-VI miot		LSM	73,93	70,26
Litters 1-6		SE	0,15	0,13
		LSM	66,46	65,32
		SE	0,16	0,15

n – liczba loch

n – number of sows

AA – średnie oznaczone tymi samymi dużymi literami różnią się od siebie istotnie przy $p \leq 0,01$ AA – means denoted by the same capital letters differ significantly at $p \leq 0.01$ aa – średnie oznaczone tymi samymi małymi literami różnią się od siebie istotnie przy $p \leq 0,05$ aa – means denoted by the same lower-case letters differ significantly at $p \leq 0.05$

Analizując średnią łączną liczbę prosiąt żywo urodzonych w czterech kolejnych miotach stwierdzono, że lochy rasy pbz łącznie urodziły średnio 49,30 prosiąt i przewyższały lochy rasy wbp, które urodziły 46,64 prosiąt. Różnica między średnimi okazała się istotna statystycznie ($p \leq 0,01$) (tab. 2). W liczbie odchowanych prosiąt różnica między średnią łączną wielkością miotów loch rasy pbz a wbp okazała się mniejsza, wyniosła 0,66 prosięcia i była istotna statystycznie ($p \leq 0,05$).

Analizie poddano łącznie pięć miotów. Okazało się, że liczba prosiąt żywo urodzonych średnio w pięciu miotach przez lochy rasy pbz była o 3,10 prosięcia większa w porównaniu z miotami loch rasy wbp i wynosiła odpowiednio 61,61 oraz 58,51. Różnica ta okazała się istotna statystycznie ($p \leq 0,05$). Mniejsze zróżnicowanie obserwowano w odniesieniu do liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia przez lochy łącznie średnio w pięciu miotach. Lochy rasy pbz średnio odchowały 55,54 prosiąt, a lochy rasy wbp 54,57 prosiąt. Wartości te nie różniły się istotnie statystycznie ($p \leq 0,05$).

Spośród badanej grupy loch sześć miotów otrzymano od 54 loch rasy pbz i 62 rasy wbp. Lochy rasy pbz urodziły średnio w sześciu miotach 73,93, a odchowały do wieku 21 dni 66,64 prosiąt. Z kolei lochy rasy wbp urodziły średnio 70,26, a odchowały 65,32 prosiąt. Obserwowane różnice okazały się nieistotne statystycznie (tab. 2).

W badanej grupie loch stwierdzono 99 osobników rasy pbz i 100 rasy wbp, od których otrzymano cztery mioty. W czterech kolejnych miotach obserwowano większą średnią liczbę urodzonych prosiąt przez matki rasy pbz, jednocześnie odnotowując większą zmienność w obrębie tej cechy w porównaniu z lochami rasy wbp. Obserwowana średnia liczba prosiąt żywo urodzonych okazała się w drugim i czwartym miocie istotnie statystycznie wyższa na poziomie $p \leq 0,05$ u loch rasy pbz w stosunku do loch rasy wbp. Analizując liczbę prosiąt odchowanych w czterech kolejnych miotach stwierdzono mniejsze różnice pomiędzy badanymi grupami rasowymi loch. Tylko w czwartym miocie różnice pomiędzy ilością odchowanych prosiąt przez lochy rasy pbz a wbp okazały się istotne statystycznie ($p \leq 0,05$). Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w czterech miotach była istotnie wyższa w grupie loch rasy pbz i wynosiła 49,30 prosięcia niż u loch rasy wbp – 46,64 (tab. 3, 4).

Lochy obu ras nie różniły się istotnie pod względem liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia łącznie w czterech miotach. Lochy rasy pbz odchowały średnio 44,31 prosiąt, a rasy wbp 43,65 prosiąt łącznie w czterech miotach (tab. 3, 4). Należy zwrócić uwagę, że większą zmienność pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych obserwowano w grupie loch rasy pbz we wszystkich kolejnych czterech miotach oraz łącznie za cztery mioty w stosunku do loch rasy wbp. Z kolei pod względem liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia większą zmienność obserwowano wśród loch rasy pbz w pierwszym i czwartym miocie, a w drugim i trzecim miocie u loch rasy wbp. Zarówno w grupie loch rasy pbz, jak i wbp mniejszą zmienność obserwowano w liczbie prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w porównaniu z liczbą prosiąt żywo urodzonych w czterech kolejnych oproszeniach. Spostrzeżenie to dotyczy także liczby prosiąt urodzonych i odchowanych łącznie w czterech miotach. Analizując łącznie cztery mioty pod względem liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia stwierdzono zbliżoną zmienność pod względem tej cechy w obu grupach rasowych loch (tab. 3, 4).

Tabela 3. Charakterystyka cech reprodukcyjnych badanych loch ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp), od których otrzymano cztery kolejne mioty

Table 3. Statistical characteristics of reproduction traits in the sows analysed of the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) breeds from which further four litters were obtained

Cecha – Trait	Rasa – Breed			
	pbz – PL		wbp – PLW	
	\bar{x}	S_x	\bar{x}	S_x
I	2	3	4	5
	n = 99			
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	346,24	31,98	339,94	35,22
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	11,59	1,43	11,01	0,85
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,69	1,04	10,54	0,88
Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	186,52	34,31	176,81	36,29
Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	530,76	53,10	516,75	47,52
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,37	1,65	11,70	1,33
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,01	0,98	11,10	1,17
Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	186,67	46,99	168,06	23,67

cd. tabeli 3 – Table 3 continued

I		2	3	4	5
Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)		717,42	81,27	684,81	53,22
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,64	1,79	12,15	1,65
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,33	1,22	11,13	1,39
Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)		184,01	46,17	168,47	33,24
Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)		901,43	109,69	853,28	68,19
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,69	1,83	11,78	1,55
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,28	1,44	10,88	1,01
I-IV miot Litters 1-4	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	49,30	5,22	46,64	2,79
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	44,31	2,53	43,65	2,46

n , \bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

Tabela 4. Porównanie loch, od których otrzymano cztery kolejne mioty, ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp) pod względem analizowanych cech reprodukcyjnych
 Table 4. Comparison of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows from which further four litters were obtained in terms of the reproduction traits analysed

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed	
			pbz – PL n = 99	wbp – PLW n = 100
			3	4
	I	2		
	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	346,24 ^A 3,25	339,94 ^A 3,10
I miot 1 st litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,59 0,15	11,01 0,09
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,69 0,11	10,54 0,10
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	186,52 ^A 2,89	176,81 ^A 2,64
	Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	LSM SE	530,76 ^a 3,15	516,75 ^a 3,05
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,37 ^A 0,15	11,70 ^A 0,12
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,01 0,04	11,10 0,10
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	186,67 ^A 3,24	168,06 ^A 3,11

cd. tabeli 4 – Table 4 continued

		1					
		2		3		4	
Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)		LSM	717,42 ^A	684,81 ^A			
		SE	4,69	3,85			
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	12,64	12,15			
		SE	0,18	0,15			
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	11,33	11,13			
		SE	0,12	0,11			
Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)		LSM	184,01 ^A	168,47 ^A			
		SE	4,04	4,02			
Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)		LSM	901,43 ^A	853,28 ^A			
		SE	4,55	4,55			
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	12,69 ^A	11,78 ^A			
		SE	0,17	0,17			
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	11,28 ^{aa}	10,88 ^{aa}			
		SE	0,13	0,13			
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	49,30 ^A	46,64 ^A			
		SE	5,69	6,02			
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	44,31	43,65			
		SE	4,54	5,05			

AA, aa – patrz tabela 2 – see Table 2

W badanej grupie zwierząt 74 lochy rasy pbz i 91 loch rasy wbp oprosiło się pięciokrotnie. W pierwszym miocie lochy rasy pbz urodziły średnio więcej prosiąt (11,50 prosięcia) od loch rasy wbp (10,99 prosięcia). Obserwowane różnice okazały się nieistotne statystycznie. Liczba prosiąt odchowanych w pierwszym miocie przez lochy obu ras była zbliżona i wynosiła 10,54 prosiąt (lochy rasy pbz) i 10,48 (lochy rasy wbp). Z kolei w drugim miocie liczba prosiąt żywo urodzonych była istotnie statystycznie wyższa w grupie loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. Istotne statystycznie różnice obserwowano także w liczbie urodzonych żywo prosiąt w czwartym miocie przez lochy rasy pbz i wbp. Analizując liczbę prosiąt urodzonych łącznie w pięciu miotach stwierdzono istotne statystycznie różnice pomiędzy lochami rasy pbz a wbp. Lochy rasy pbz urodziły średnio w pięciu miotach 61,61 prosiąt, a lochy rasy wbp 58,51 prosiąt. Pod względem liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia istotne różnice między lochami rasy pbz a wbp obserwowano tylko w czwartym miocie. Lochy rasy pbz odchowały średnio 11,36 prosięcia, a lochy rasy wbp 10,91. W pozostałych analizowanych miotach oraz łącznie za pięć miotów liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia przez lochy rasy pbz nie różniła się istotnie statystycznie od liczby prosiąt odchowanych przez lochy rasy wbp. Łącznie w pięciu miotach lochy rasy pbz odchowały 55,54 prosiąt, a lochy rasy wbp 54,56 prosiąt (tab. 5, 6).

Wśród badanej grupy 54 lochy rasy pbz i 62 lochy rasy wbp oprosiły się sześciokrotnie. Liczba prosiąt żywo urodzonych w pierwszym i drugim miocie przez lochy rasy pbz i wbp była zbliżona. W trzecim i czwartym miocie lochy rasy pbz rodziły istotnie statystycznie więcej prosiąt od loch rasy wbp. Natomiast w piątym i szóstym miocie obserwowane różnice w liczbie prosiąt żywo urodzonych przez lochy rasy pbz i wbp okazały się nieistotne statystycznie. Łącznie w sześciu miotach lochy rasy pbz urodziły średnio 73,92 prosięcia, a lochy rasy wbp 70,26 prosięcia. Obserwowana różnica okazała się istotna statystycznie.

Analizując liczbę odchowanych prosiąt do 21. dnia życia w kolejnych sześciu miotach przez lochy rasy pbz i wbp stwierdzono znacznie mniejszą przewagę loch rasy pbz nad lochami rasy wbp niż w przypadku liczby prosiąt żywo urodzonych. Różnice pod względem liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia okazały się istotne w trzecim i czwartym miocie. Lochy rasy pbz odchowały łącznie w sześciu miotach średnio 66,46 prosiąt, a lochy rasy wbp 65,67 prosiąt (tab. 7, 8).

Kolejnymi cechami charakteryzującymi rozród loch to wiek pierwszego oproszenia, okres międzymiotu i w konsekwencji wiek, w którym lochy rodziły kolejne mioty (tab. 1, 2).

Lochy rasy pbz były młodsze (około 343 dni) w chwili pierwszego oproszenia w porównaniu z lochami rasy wbp (ponad 352 dni). W grupie loch wbp obserwowano większą zmienność pod względem tej cechy. Obserwowane różnice okazały się istotne statystycznie.

Okres pomiędzy pierwszym a drugim oproszeniem okazał się dłuższy u loch rasy pbz i wynosił średnio ponad 182 dni w porównaniu z lochami rasy wbp, gdzie okres ten wynosił 172 dni. Różnice te okazały się istotne statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Spowodowało to, że lochy rasy wbp były istotnie statystycznie młodsze w chwili urodzenia drugiego miotu. Nieznacznie większą zmienność pod względem tej cechy obserwowano wśród loch rasy wbp w porównaniu z lochami pbz.

Tabela 5. Charakterystyka statystyczna cech reprodukcyjnych badanych loch ras polska biała zwistoucha (pbz) i wielka biała polska (wbp), od których otrzymano pięć kolejnych miotów
 Table 5. Statistical characteristics of reproduction traits in the sows analysed of the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) breeds from which further five litters were obtained

Cecha – Trait	Rasa – Breed				
	pbz – PL		wbp – PLW		S _x
	\bar{x}	S _x	\bar{x}	S _x	
I	2	3	4	n = 81	5
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	347,35	30,03	339,05		34,81
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	11,50	1,40	10,99		0,84
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,54	0,98	10,48		0,88
Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	180,00	21,98	173,12		29,01
Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	527,35	36,86	512,17		44,49
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,28	1,65	11,62		1,29
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,96	1,01	11,02		1,11
Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	187,81	49,31	168,38		24,61

cd. tabeli 5 – Table 5 continued

	1	2	3	4	5
	Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)	715,16	70,53	680,56	49,69
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,74	1,91	12,27	1,69
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,50	1,32	11,20	1,43
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	184,12	46,47	164,96	24,71
	Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)	899,28	100,41	845,52	61,38
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,88	1,92	11,89	1,57
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,36	1,55	10,91	1,15
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	181,81	35,20	162,62	15,11
	Wiek w dniu piątego oproszenia (dni) Age at the fifth littering (in days)	1081,09	122,21	1008,14	63,08
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,20	1,59	11,74	1,20
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,18	0,97	10,95	0,95
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	61,61	6,40	58,51	3,11
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	55,54	2,85	54,56	2,69

n, \bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

Tabela 6. Porównanie loch, od których otrzymano pięć kolejnych miotów, ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp) pod względem analizowanych cech reprodukcyjnych
 Table 6. Comparison of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows from which further five litters were obtained in terms of the reproduction traits analysed

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistic measures	Rasa – Breed	
			pbz – PL n = 74	wbp – PLW n = 81
	I	2	3	4
	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	347,35 ^A 3,45	339,05 ^A 2,99
I miot 1 st litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,50 0,18	10,99 0,11
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,54 0,15	10,48 0,12
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	180,00 ^A 3,89	173,12 ^A 2,99
	Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	LSM SE	527,35 ^A 2,76	512,17 ^A 2,04
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,28 ^A 0,19	11,62 ^A 0,11
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,96 0,15	11,02 0,10
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	187,81 ^A 3,33	168,38 ^A 3,01
	Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)	LSM SE	715,16 ^A 3,99	680,56 ^A 3,25
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,74 0,18	12,27 0,15
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,50 0,15	11,20 0,10
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	184,12 ^A 4,04	164,96 ^A 3,56

cd. tabeli 6 – Table 6 continued

	1	2	3	4
	Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)	LSM SE	899,28 ^A 4,55	845,52 ^A 3,74
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,88 ^A 0,17	11,89 ^A 0,17
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,36 ^a 0,19	10,91 ^a 0,13
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	181,81 ^A 5,00	162,62 ^A 4,36
	Wiek w dniu piątego oproszenia (dni) Age at the fifth littering (in days)	LSM SE	1081,09 ^a 4,86	1008,14 ^a 4,23
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,20 0,15	11,74 0,12
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,18 0,14	10,95 0,11
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	61,61 ^a 5,69	58,51 ^a 6,02
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	55,54 4,54	54,56 5,05

AA, aa – patrz tabela 2 – see Table 2

Tabela 7. Charakterystyka cech reprodukcyjnych badanych loch ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp), od których otrzymano sześć kolejnych miotów

Table 7. Statistical characteristics of reproduction traits in the sows analysed of the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) breeds from which six further litters were obtained

Cecha – Trait	Rasa – Breed					
	pbz – PL		wbp – PLW		S _x	
	\bar{x}	S _x	\bar{x}	S _x	n	S _x
I	2	n = 54	3	4	n = 62	5
Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	339,41	23,69	338,52	36,02		
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	11,51	1,49	11,04	0,84		
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,53	1,06	10,56	0,89		
Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	178,11	22,98	170,25	18,49		
Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	517,52	30,39	508,77	42,70		
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,14	1,63	11,59	1,14		
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,87	0,95	11,09	0,98		
Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	185,90	43,26	166,16	20,38		
Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at the third littering (in days)	703,42	64,11	674,94	46,19		
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,64	1,84	12,20	1,76		
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,50	1,56	11,04	1,43		
Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	184,06	49,14	163,66	21,76		

cd. tabeli 7 – Table 7 continued

I		2	3	4	5
Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at fourth littering (in days)		887,48	94,01	838,59	55,00
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	13,18	1,83	11,82	1,68
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,57	1,68	10,97	1,23
Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)		177,59	34,26	161,80	13,97
Wiek w dniu piątego oproszenia (dni) Age at the fifth littering (in days)		1065,07	118,56	1000,41	55,76
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,24	1,70	11,71	1,27
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	11,17	1,00	10,89	0,99
Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)		172,98	26,25	168,48	34,50
Wiek w dniu szóstego oproszenia (dni) Age at the sixth littering (in days)		1238,06	134,82	1168,89	71,89
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	12,19	1,36	11,87	1,37
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	10,81	0,89	11,11	1,13
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	73,92	7,32	70,26	3,67
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	66,46	3,23	65,67	3,07

\bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

Tabela 8. Porównanie loch, od których otrzymano sześć kolejnych miotów, ras polska biała zwiśloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp) pod względem analizowanych cech reprodukcyjnych
 Table 8. Comparison of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows from which further six litters were obtained in terms of the reproduction traits analysed

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed	
			pbz – PL n = 54	wbp – PLW n = 62
			1	2
	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	339,41 3,16	338,52 3,04
I miot 1 st litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,51 0,10	11,04 0,09
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,53 0,10	10,56 0,10
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	178,11 2,73	170,25 2,64
	Wiek w dniu drugiego oproszenia (dni) Age at the second littering (in days)	LSM SE	517,52 ^a 3,15	508,77 ^a 3,00
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,14 0,12	11,59 0,12
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,87 0,09	11,09 0,10
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	185,90 ^a 3,17	166,16 ^a 3,11
	Wiek w dniu trzeciego oproszenia (dni) Age at third littering (in days)	LSM SE	703,42 ^a 4,59	674,94 ^a 3,93
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,64 ^a 0,15	12,20 ^a 0,15
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,50 ^a 0,12	11,04 ^a 0,11
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	184,06 ^a 4,04	163,66 ^a 4,02

cd. tabeli 8 – Table 8 continued

		1		2		3		4	
		Wiek w dniu czwartego oproszenia (dni) Age at the fourth littering (in days)		LSM	SE	887,48 ^A	4,55	838,59 ^A	4,55
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	SE	13,18 ^A	0,17	11,82 ^A	0,17	10,97 ^A
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	SE	11,57 ^A	0,13	10,13	0,13	10,97 ^A
		Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)		LSM	SE	177,59 ^A	3,69	161,80 ^A	4,01
		Wiek w dniu piątego oproszenia (dni) Age at the fifth littering (in days)		LSM	SE	1065,07	5,12	1000,41	4,79
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	SE	12,24	0,15	11,71	0,14	10,89
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	SE	11,17	0,13	10,11	0,11	168,48
		Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)		LSM	SE	172,98	4,52	168,48	4,69
		Wiek w dniu szóstego oproszenia (dni) Age at the sixth littering (in days)		LSM	SE	1238,06 ^A	5,32	1168,89 ^A	5,12
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	SE	12,19	0,13	11,87	0,16	11,11
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	SE	10,81	0,15	10,15	0,15	70,26 ^A
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		LSM	SE	73,92 ^A	5,69	65,67	5,89	65,67
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		LSM	SE	66,46	4,73	65,67	5,89	65,67

AA, aa – patrz tabela 2 – see Table 2

Z kolei okres między drugim a trzecim miotem okazał się również dłuższy u loch rasy pbz i wynosił nieco powyżej 183 dni wobec istotnie ($p \leq 0,01$) krótszego u loch rasy wbp wynoszącego około 167 dni. Należy podkreślić znacznie większą zmienność tej cechy u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. Dłuższe okresy między kolejnymi porodami u loch rasy pbz spowodowały, że były one starsze (średnio około 712 dni) w chwili trzeciego oproszenia w porównaniu z lochami rasy wbp (ponad 683 dni). Obserwowana różnica okazała się istotna statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Okres międzymiotu (3-4 miot) był istotnie statystycznie ($p \leq 0,01$) dłuższy u loch rasy pbz i wynosił 184 dni wobec około 168 dni u loch rasy wbp. W badanej grupie loch rasy pbz obserwowano większą zmienność. Lochy rasy pbz były istotnie statystycznie ($p \leq 0,01$) starsze (ponad 903 dni) rodząc czwarty miot w porównaniu z lochami rasy wbp (około 853 dni). Lochy rasy pbz charakteryzowały się dłuższym okresem pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem, który wynosił ponad 181 dni wobec około 162 dni u loch rasy wbp. Wartości te różniły się istotnie statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Spowodowało to wzrost różnicy w średnim wieku loch w chwili wydania piątego miotu, który wynosił dla loch rasy pbz około 1081 dni i wbp 1008 dni. Obserwowane różnice w wieku loch okazały się istotne statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Większą zmienność pod względem długości międzymiotu obserwowano wśród loch rasy pbz.

Ostatni analizowany okres to czas pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem. Nieznacznie dłuższy okres międzymiotu wystąpił u loch rasy pbz (około 173 dni) w porównaniu z nieco ponad 168 dniami u loch rasy wbp. Lochy rasy wbp charakteryzowały się większą zmiennością pod względem tej cechy. W związku z tym w chwili szóstego oproszenia lochy rasy wbp były istotnie młodsze od loch rasy pbz.

Analizując wiek pierwszego oproszenia oraz średnią długość trwania kolejnych okresów między miotami można stwierdzić, że lochy rasy pbz były istotnie statystycznie młodsze w dniu pierwszego oproszenia w porównaniu z lochami rasy wbp odpowiednio około 343 dni i 352 dni. Dłuższe okresy między kolejnymi porodami u loch rasy pbz spowodowały jednak odwrócenie sytuacji po sześciu miotach. Istotnie starsze okazały się lochy rasy pbz (średnio 1238 dni) od loch rasy wbp (ponad 1168 dni) w chwili urodzenia szóstego miotu.

Spośród badanej grupy loch cztery mioty otrzymano od 99 osobników rasy pbz i od 100 osobników rasy wbp. Lochy rasy pbz średnio pierwszy raz się prosiły w wieku około 346 dni i były starsze od loch rasy wbp, które prosiły się po raz pierwszy średnio w wieku prawie 340 dni. Obserwowana różnica okazała się istotna statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Kolejne okresy międzymiotów pomiędzy pierwszym a drugim, drugim a trzecim oraz trzecim a czwartym oproszeniem okazały się istotnie dłuższe u loch rasy pbz w porównaniu z lochami wbp. Spowodowało to zwiększenie różnicy wieku pomiędzy lochami rasy pbz a wbp z około 6 dni w wieku pierwszego oproszenia do około 48 dni w wieku czwartego oproszenia. Lochy rasy pbz w chwili czwartego oproszenia były średnio w wieku ponad 901 dni, a lochy rasy wbp nieco powyżej 853 dni (tab. 3, 4).

W badanej grupie loch pięć kolejnych miotów otrzymano od 74 loch rasy pbz i 81 loch rasy wbp. Lochy rasy pbz w chwili pierwszego oproszenia były średnio w wieku około 347 dni, natomiast lochy rasy wbp 339 dni. Różnica ta wynosząca około 8 dni okazała się istotna statystycznie na poziomie $p \leq 0,01$. Analiza długości kolejnych okresów między miotami wykazała, że istotnie dłuższe okresy obserwowano u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. Spowodowało to, że lochy rasy pbz w chwili piąte-

go oproszenia miały średnio 1081 dni i były istotnie starsze od loch rasy wbp, których średni wiek w chwili piątego oproszenia wynosił 1008 dni (tab. 5, 6).

Wśród loch rasy pbz 54 lochy oprosiły się sześciokrotnie. Tyle samo oproszeń odnotowano w grupie 62 loch rasy wbp. Lochy obu ras przy pierwszym oproszeniu cechował zbliżony wiek wynoszący średnio dla rasy pbz ponad 339 dni, a dla rasy wbp ponad 338 dni. Dłuższy okres między pierwszym a drugim oproszeniem u loch rasy pbz spowodował, że w chwili urodzenia drugiego miotu lochy tej rasy były istotnie statystycznie starsze od loch rasy wbp. Kolejne okresy międzymiotu były także dłuższe u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. W efekcie lochy rasy pbz w chwili szóstego oproszenia miały 1238 dni, a lochy rasy wbp prawie 1169 dni. Obserwowana różnica okazała się istotna (tab. 7, 8).

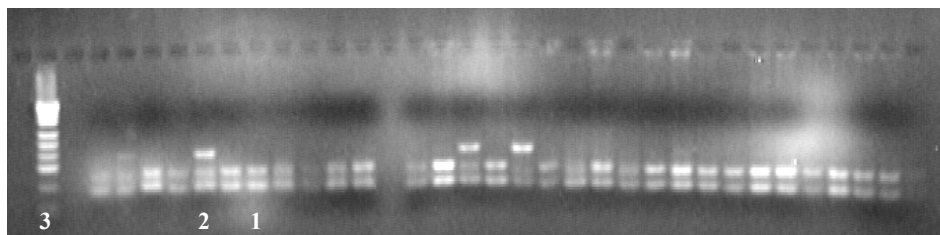
3.2. Charakterystyka genetyczna analizowanego stada loch

Strukturę genetyczną badanej grupy loch przedstawiono w tabelach 9 i 10. Badane lochy należące do ras polskiej białej zwiślouchej i wielkiej białej polskiej różniły się między sobą strukturą genetyczną (frekwencją genów i genotypów) określoną na podstawie analizowanych genów – *RYR1/HhaI*, *ESR/PvuII*, *ESR/AvaI*, *ESR/MspA1I*, *CYP21/HaeIII*, *CYP21/NciI* oraz *IGF1R/Cfr42I*.

W poszczególnych stadach należących do ras pbz i wbp udział loch o określonych genotypach był bardzo zróżnicowany, co przedstawiono w tabelach 11, 11a i 12 oraz 13, 13a i 14.

3.2.1. Polimorfizm *RYR1/HhaI*

Wśród loch ras pbz oraz wbp obserwowano dwa genotypy genu *RYR1* – homozygoty *CC* i heterozygoty *CT*. Nie obserwowano homozygot *TT*. Fotografia 1 przedstawia obserwowane genotypy *RYR1*.



Fot. 1. Identyfikacja genotypów *RYR1*: *CC* – 1, *CT* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3
 Phot. 1. Identification of genotypes *RYR1*: *CC* – 1, *CT* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3

Tabela 9. Frekwencja genów i genotypów w badanych grupach loch ras polskiej białej zwiastouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)
 Table 9. Gene and genotype frequencies in the groups of the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows analysed

Gen Gene	Genotyp Genotype	Rasa – Breed									
		pbz – PL n = 160					wbp – PLW n = 173				
		n	Frekwencja – obszerwana observed	Frekwencja – oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – obszerwana observed	Frekwencja – oczekiwana expected	Chi ²		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
RYR1/HhaI	Genotyp Genotype	CC	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		
ESR/PvuII	Allel	C		0,7875				0,9653			
		T		0,2125				0,0347			
		AA	27	0,1688	0,2054		71	0,4104	0,4420		
ESR/AvaI	Genotyp Genotype	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		
		A		0,4532				0,6648			
ESR/AvaI	Allel	B		0,5469				0,3352			
		WW	27	0,1688	0,2922		50	0,2890	0,2922		
		MW	119	0,7438	0,4967	24,73	87	0,5029	0,4967	0,02	
ESR/AvaI	Allel	MM	14	0,0875	0,2110		36	0,2081	0,2110		
		W		0,5406				0,5406			
		M		0,4594				0,4596			

cd. tabeli 9 – Table 9 continued

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
<i>ESR/MspA11</i>	Genotyp Genotype	<i>AA</i>	110	0,6875	0,7014	1,04	89	0,5145	0,5518	3,80	
		<i>AB</i>	48	0,3000	0,2722		79	0,4566	0,3821		
		<i>BB</i>	2	0,0125	0,0264		5	0,0289	0,0662		
	Allel	<i>A</i>			0,8375				0,7428		
		<i>B</i>			0,1625				0,2572		
	<i>21/HaeIII</i>	Genotyp Genotype	<i>AA</i>	20	0,1575	0,0992	7,30	22	0,1497	0,2300	10,38
<i>AB</i>			40	0,3150	0,4315	97		0,6599	0,4990		
<i>BB</i>			67	0,5276	0,4694	28		0,1905	0,2709		
Allel		<i>A</i>			0,3149				0,4796		
		<i>B</i>			0,6851				0,5205		
<i>CYP21/NciI</i>		Genotyp Genotype	<i>AA</i>	40	0,3150	0,3038	0,20	49	0,3333	0,3343	0,00
	<i>AB</i>		60	0,4724	0,4948	72		0,4898	0,4878		
	<i>BB</i>		27	0,2126	0,2014	26		0,1769	0,1779		
	Allel	<i>A</i>			0,5512				0,5782		
		<i>B</i>			0,4488				0,4218		
	<i>IGF1R/Cfr421</i>	Genotyp Genotype	<i>AA</i>	117	0,7313	0,7174	1,18	150	0,8671	0,8554	2,85
<i>AB</i>			37	0,2313	0,2592	20		0,1156	0,1389		
<i>BB</i>			6	0,0375	0,0234	3		0,0173	0,0056		
Allel		<i>A</i>			0,8470				0,9249		
		<i>B</i>			0,1530				0,0751		

Tabela 10. Współczynniki heterozygotyczności dla poszczególnych loci w badanych grupach rasowych loch oraz oszacowany dystans genetyczny
 Table 10. 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 – Breed		
	pbz – PL n = 160	wbp – PLW n = 173	
<i>RYR1/HhaI</i>	0,4277	0,0698	0,1257
<i>ESR/PvuII</i>	0,7398	0,9218	0,1497
<i>ESR/AvaI</i>	0,9154	0,7944	0,0001
<i>ESR/MspA11</i>	0,9906	0,9793	0,0670
<i>CYP21/HaeIII</i>	0,4743	0,8123	0,1164
<i>CYP21/NciI</i>	0,7905	0,8259	0,0191
<i>IGF1R/Cfr421</i>	0,9655	0,9855	0,0551

Tabela 11. Struktura genetyczna badanych stad loch rasy polskiej białej zwiśtouchej (pbz)
 Table 11. Genetic structure of the examined herds of the Polish Landrace (PL) sows

Gen Gene	Numer stada – Herd number															Chi ²
	1					2					3					
	n = 20					n = 25					n = 50					
Genotyp Genotype	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		
	CC	10	0,5000	0,5625		14	0,5600	0,6084		26	0,5200	0,5776				
	CT	10	0,5000	0,3750	10,11	11	0,4400	0,3432	7,96	24	0,4800	0,3648	9,97			
RYR1/HhaI	TT	–	–	0,0625		–	–	0,0484		–	–	0,0576				
	Allel		0,7500				0,7800				0,7600					
	T		0,2500				0,2200				0,2400					
ESR/PvuII	AA	5	0,2500	0,3600		10	0,4000	0,3600		2	0,0400	0,0625				
	AB	14	0,7000	0,4800	21,00	10	0,4000	0,4800	2,27	21	0,4200	0,3750	1,44			
	BB	1	0,0500	0,1600		5	0,2000	0,1600		27	0,5400	0,5625				
Allel	A		0,6000				0,6000				0,2500					
	B		0,4000				0,4000				0,7500					
	WW	4	0,2000	0,2756		6	0,2400	0,3136		–	–	0,2209				
ESR/AvaI	MW	13	0,6500	0,4988	9,18	16	0,6400	0,4928	8,92	47	0,9400	0,4982	78,64			
	MM	3	0,1500	0,2256		3	0,1200	0,1936		3	0,0600	0,2809				
	Allel		0,5250				0,5600				0,4700					
			0,4750				0,4400				0,5300					

cd. tabeli 11 – Table 11 continued

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15												
															AA	12	0,6000	0,6400		13	0,5200	0,5476		34	0,6800	0,6889
															AB	8	0,4000	0,3200	6,25	11	0,4400	0,3848	2,06	15	0,3000	0,2822
ESR/MspA11	Genotyp	Genotype	BB	–	0,0400	1	0,0400	0,0676		1	0,0200	0,0289		0,39												
															Allel	A	0,8000		0,7400		0,8300					
																							B	0,2000		0,1700
21/HaeIII	Genotyp	Genotype	AA	–	0,0900	1	0,0400	0,0256	1,15	1	0,0200	0,0289		0,39												
															Allel	AB	0,6000	0,4200	18,36	6	0,2400	0,2688	15	0,3000	0,2822	
CYP21/NciI	Genotyp	Genotype	AA	14	0,7000	10	0,4000	0,3364	6,81	10	0,2000	0,2209		0,71												
															Allel	AB	0,2500	0,2888	1,81	9	0,3600	0,4872	27	0,5400	0,4982	
IGF1R/CjF42I	Genotyp	Genotype	AA	13	0,6500	19	0,7600	0,7744	1,86	46	0,9200	0,9025		13,57												
															Allel	AB	0,1500	0,3988	38,93	6	0,2400	0,2112	3	0,0600	0,0950	
Allel	A	0,7250			–	0,8800				0,9500																
													Allel	B	0,2750				0,1200				0,0500			

Chi² tabela p ≤ 0,05 wartość 5,99; p ≤ 0,01 wartość 9,21

Chi² Table p ≤ 0,05 value 5,99; p ≤ 0,01 value 9,21

Tabela 11a. Struktura genetyczna badanych stad loch rasy polskiej białej zwiślouchiej (pbz)
 Table 11a. Genetic structure of the herds of the Polish Landrace (PL) sows examined

Gen Gene	Genotyp Genotype	Numer stada – Herd number												
		4				5				6				
		n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	n	Frekwencja – Frequency observed	oczekiwana expected	Chi ²	
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
<i>RYRI/HhaI</i>	Genotyp Genotype	CC	15	0,6250	0,6602	7	10	0,5556	0,6050	11	17	0,7391	0,7562	1,5
		CT	9	0,3750	0,3047	4,33	8	0,4444	0,3457	8,16	6	0,2609	0,2268	2,25
		TT	–	–	0,0352	–	–	–	0,0494	–	–	–	0,0170	–
<i>ESR/PvuII</i>	Genotyp Genotype	C	–	0,8125	–	–	–	0,7778	–	–	–	0,8696	–	–
		T	–	0,1875	–	–	–	0,2222	–	–	–	0,1304	–	–
		AA	9	0,3750	0,4727	–	1	0,0556	0,1112	–	–	–	0,2084	–
<i>ESR/AviI</i>	Genotyp Genotype	AB	15	0,6250	0,4297	20,67	10	0,5556	0,4446	6,22	21	0,9130	0,4962	70,55
		BB	–	–	0,0997	–	7	0,3889	0,4444	–	2	0,0870	0,2954	–
		A	–	0,6875	–	–	–	0,3334	–	–	–	0,4565	–	–
<i>ESR/MspA1I</i>	Genotyp Genotype	B	–	0,3125	–	–	–	0,6667	–	–	–	0,5435	–	–
		WW	16	0,6667	0,5625	–	1	0,0556	0,2786	–	–	–	0,2288	–
		MW	4	0,1667	0,3750	30,87	17	0,9444	0,4985	80,04	22	0,9565	0,4992	83,99
<i>ESR/MspA1I</i>	Genotyp Genotype	MM	4	0,1667	0,0625	–	–	–	0,2230	–	1	0,0435	0,2723	–
		W	–	0,7500	–	–	–	0,5278	–	–	–	0,4783	–	–
		M	–	0,2500	–	–	–	0,4722	–	–	–	0,5218	–	–
<i>ESR/MspA1I</i>	Genotyp Genotype	AA	20	0,8333	0,8403	–	13	0,7222	0,7415	–	18	0,7826	0,7944	–
		AB	4	0,1667	0,1529	0,83	5	0,2778	0,2392	2,60	5	0,2174	0,1938	1,49
		BB	–	–	0,0070	–	–	–	0,0193	–	–	–	0,0118	–
<i>ESR/MspA1I</i>	Allel	A	–	0,9167	–	–	–	0,8611	–	–	–	0,8913	–	–
		B	–	0,0834	–	–	–	0,1389	–	–	–	0,1087	–	–

cd. tabeli 11a – Table 11a continued

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
<i>CYP21/HaeIII</i>	Genotyp	AA	18	0,7500	0,6946	15,97	3	-	-	-	-	-	-	-	
	Genotype	AB	4	0,1667	0,2779		5	-	-	-	-	-	-	-	-
		BB	2	0,0833	0,0278		-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Allel	A		0,8334											
		B		0,1667											
<i>CYP21/NciI</i>	Genotyp	AA	2	0,0833	0,1236	3,80	4	-	-	-	-	-	-	-	
	Genotype	AB	16	0,6667	0,4862		3	-	-	-	-	-	-	-	-
		BB	6	0,2500	0,3404		1	-	-	-	-	-	-	-	-
	Allel	A		0,4167											
		B		0,5834											
<i>IGF1R/CfA21</i>	Genotyp	AA	18	0,7500	0,7656	2,03	7	0,3889	0,4823	14	0,6087	0,6125	0,6125	0,05	
	Genotype	AB	6	0,2500	0,2188		11	0,6111	0,4233	8	0,3478	0,3403	0,3403		
		BB	-	-	0,0156		-	-	0,0933	1	0,0435	0,0473	0,0473		
	Allel	A		0,8750				0,6945				0,7826			
		B		0,1250				0,3055				0,2174			

Chi² tabela p ≤ 0,05 wartość 5,99; p ≤ 0,01 wartość 9,21

Chi² Table p ≤ 0.05 value 5.99; p ≤ 0.01 value 9.21

Tabela 12. Współczynniki heterozygotyczności w badanych stadach loch rasy polskiej białej zwiastouchej (pbz)
 Table 12. Heterozygosity indices in the herds of the Polish Landrace (PL) sows examined

Gen Gene	Numer stada – Herd number					
	1 n = 20	2 n = 25	3 n = 50	4 n = 24	5 n = 18	6 n = 23
<i>RYRI/HhaI</i>	0,5128	0,4490	0,4848	0,3830	0,4571	0,2667
<i>ESR/PvuII</i>	0,7792	0,6122	0,9697	0,6383	0,9714	0,9333
<i>ESR/AvaI</i>	0,8205	0,7755	0,9495	0,3404	0,9714	0,9778
<i>ESR/MspA1I</i>	0,4103	0,4898	0,3232	0,1702	0,2857	0,2222
<i>CYP2I/HaeIII</i>	0,6154	0,9796	0,9899	0,2553	–	–
<i>CYP2I/NciI</i>	0,3077	0,6122	0,8081	0,9362	–	–
<i>IGFIR/Cfr42I</i>	0,3590	0,2449	0,0808	0,2553	0,6286	0,4000

Tabela 13. Struktura genetyczna badanych stad loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp)
 Table 13. Genetic structure of the herds of the Polish Large White (PLW) sows examined

Gen Gene	Genotyp Genotype	Numer stada – Herd number												Chi ²	
		1				2				3					
		n	Frekwencja obserwowana	Frekwencja oczekiwana	Chi ²	n	Frekwencja obserwowana	Frekwencja oczekiwana	Chi ²	n	Frekwencja obserwowana	Frekwencja oczekiwana	Chi ²		
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
<i>RYR1/Hhd1</i>	Genotyp Genotype	CC	28	0,9333	0,9345	0,12	31	0,8158	0,8243		26	0,9630	0,9633		
		CT	2	0,0667	0,0646		7	0,1842	0,1672	1,03	1	0,0370	0,0363	0,03	
		TT	–	–	0,0011		–	–	0,0085		–	–	0,0003		
	Allel	C		0,9667				0,9079				0,9815			
		T		0,0334				0,0921				0,0185			
<i>ESR/PvuII</i>	Genotyp Genotype	AA	16	0,5333	0,5625	2,42	11	0,2895	0,4158		14	0,5185	0,3964		
		AB	13	0,4333	0,3750		27	0,7105	0,4582	30,45	6	0,2222	0,4664	27,32	
		BB	1	0,0333	0,0625		–	–	0,1262		7	0,2593	0,1372		
	Allel	A		0,7500				0,6448				0,6296			
		B		0,2500				0,3553				0,3704			
<i>ESR/AvaI</i>	Genotyp Genotype	WW	3	0,1000	0,0900		2	0,0526	0,1772		20	0,7407	0,6050		
		MW	12	0,4000	0,4200	0,23	28	0,7368	0,4875	26,14	2	0,0741	0,3458	61,72	
		MM	15	0,5000	0,4900		8	0,2105	0,3352		5	0,1852	0,0494		
	Allel	W		0,3000				0,4210				0,7778			
		M		0,7000				0,5790				0,2223			

cd. tabeli 13 – Table 13 continued

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
<i>ESR/MspA11</i>	Genotyp	<i>AA</i>	17	0,5667	0,5377		28	0,7368	0,7541		7	0,2593	0,3736		
		<i>AB</i>	10	0,3333	0,3911	2,18	10	0,2632	0,2286	2,29	19	0,7037	0,4753	23,11	
		<i>BB</i>	3	0,1000	0,0711		–	–	0,0173		1	0,0370	0,1512		
	Allel	<i>A</i>		0,7333				0,8684					0,6112		
		<i>B</i>		0,2667				0,1316					0,3888		
	<i>CYP21/HaeIII</i>	Genotyp	<i>AA</i>	6	0,2000	0,2337		2	0,0526	0,1170		3	0,1111	0,1976	
<i>AB</i>			17	0,5667	0,4994	1,82	22	0,5789	0,4502	8,18	18	0,6667	0,4939	12,26	
<i>BB</i>			7	0,2333	0,2669		14	0,3684	0,4330		6	0,2222	0,3087		
Allel		<i>A</i>		0,4834				0,3421					0,4445		
		<i>B</i>		0,5166				0,6580					0,5556		
<i>CYP21/NciI</i>		Genotyp	<i>AA</i>	27	0,9000	0,9025		12	0,3158	0,3824		4	0,1481	0,1975	
	<i>AB</i>		3	0,1000	0,0950	0,28	23	0,6053	0,4720	7,98	16	0,5926	0,4938	4,01	
	<i>BB</i>		–	–	0,0025		3	0,0789	0,1456		7	0,2593	0,3087		
	Allel	<i>A</i>		0,9500				0,6184					0,4444		
		<i>B</i>		0,0500				0,3816					0,5556		
	<i>IGF1R/Cf742I</i>	Genotyp	<i>AA</i>	21	0,7000	0,6668		38	1,0000	1,0000		17	0,6296	0,6341	
<i>AB</i>			7	0,2333	0,2995	4,89	–	–	–	0,00	9	0,3333	0,3244	0,07	
<i>BB</i>			2	0,0667	0,0336		–	–	–		1	0,0370	0,0415		
Allel		<i>A</i>		0,8166				1,0000					0,7963		
		<i>B</i>		0,1834				0,0000					0,2037		

Chi² tabela p ≤ 0,05 wartość 5,99; p ≤ 0,01 wartość 9,21Chi² Table p ≤ 0,05 value 5,99; p ≤ 0,01 value 9,21

Tabela 13a. Struktura genetyczna badanych stad loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp)
 Table 13a. Genetic structure of the herds of the Polish Large White (PLW) sows examined

Gen Gene	Genotyp Genotype	Numer stada – Herd number											
		4				5				6			
		n = 24				n = 18				n = 13			
n	observed	expected	Chi ²	n	observed	expected	Chi ²	n	observed	expected	Chi ²		
1	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	CC	28	0,9333	0,9345		18	1,0000	1,0000		30	1,0000	1,0000	
	CT	2	0,0667	0,0643	0,12	–	–	–	0,00	–	–	–	0,00
RYR1/HhaI	TT	–	–	0,0011		–	–	–		–	–	–	
	C		0,9667				1,0000				1,0000		
	T		0,0333				0,0000				0,0000		
ESR/PvuII	AA	22	0,7333	0,6945		8	0,4444	0,4444		–	–	0,2177	
	AB	6	0,2000	0,2778	7,84	8	0,4444	0,4444	0,00	28	0,9333	0,4978	76,54
	BB	2	0,0667	0,0278		2	0,1111	0,1111		2	0,0667	0,2845	
	A		0,8333				0,6666				0,4666		
	B		0,1667				0,3333				0,5334		
	WW	–	–	0,2177		12	0,6667	0,5216			13	0,4333	0,4669
ESR/Avai	MW	28	0,9333	0,4978	76,54	2	0,1111	0,4013	52,26	15	0,5000	0,4328	2,41
	MM	2	0,0667	0,2845		4	0,2222	0,0772		2	0,0667	0,1003	
	W		0,4666				0,7222				0,6833		
ESR/MspAII	M		0,5334				0,2778				0,3167		
	AA	18	0,6000	0,6400	6,25	6	0,3333	0,4444		13	0,4333	0,4901	7,28
	AB	12	0,4000	0,3200		12	0,6667	0,4445	25,01	16	0,5333	0,4199	
ESR/MspAII	BB	–	–	0,0400		–	–	0,1112		1	0,0333	0,0899	
	A		0,8000				0,6666				0,7001		
ESR/MspAII	B		0,2000				0,3334				0,2999		

cd. tabeli 13a – Table 13a continued

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
<i>CYP21/HaeIII</i>	Genotyp Genotype	AA	2	0,0667	0,2845		9	0,5000	0,5625						
		AB	28	0,9333	0,4978	76,54	9	0,5000	0,3750	11,11	3				
		BB	–	–	0,2177		–	–	0,0625		1				
	Allel	A		0,5334				0,7500							
		B		0,4666				0,2500							
	<i>CYP21/NciI</i>	Genotyp Genotype	AA	–	–	0,1112		6	0,3333	0,2786					
AB			20	0,6667	0,4445	25,01	7	0,3889	0,4985	4,83	3				
BB			10	0,3333	0,4444		5	0,2778	0,2230		1				
Allel		A		0,3334				0,5278							
		B		0,6666				0,4722							
<i>IGF1R/Cfr42I</i>		Genotyp Genotype	AA	26	0,8667	0,8712		18	1,0000	1,0000		30	1,0000	1,0000	
	AB		4	0,1333	0,1244	0,50	–	–	–	–	0,00	–	–	–	
	BB		–	–	0,0044		–	–	–	–	–	–	–	–	
Allel	A		0,9334				1,0000					1,0000			
	B		0,0666				0,0000					0,0000			

Chi² tabela p ≤ 0,05 wartość 5,99; p ≤ 0,01 wartość 9,21

Chi² Table p ≤ 0,05 value 5.99; p ≤ 0.01 value 9.21

Tabela 14. Współczynniki heterozygotyczności w badanych stadach loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp)
 Table 14. Heterozygosity indices in the herds of the Polish Large White (PLW) sows examined

Gen Gene	Numer stada – Herd number					
	1	2	3	4	5	6
	n = 30	n = 38	n = 27	n = 30	n = 18	n = 30
<i>RYR1/HhaI</i>	0,0678	0,1867	0,0377	0,0678	0,0000	0,0000
<i>ESR/PvuII</i>	0,4746	0,7200	0,4906	0,2712	0,5715	0,9491
<i>ESR/AvaI</i>	0,9153	0,9600	0,2642	0,9491	0,3428	0,5763
<i>ESR/MspA1I</i>	0,4406	0,2667	0,7547	0,4068	0,6857	0,5763
<i>CYP21/HaeIII</i>	0,8136	0,9600	0,9057	0,9491	0,5143	–
<i>CYP21/NciI</i>	0,1017	0,6933	0,8672	0,6780	0,6857	–
<i>IGF1R/Cfr42I</i>	0,3051	0,0000	0,3774	0,1356	0,0000	0,0000

Częstość występowania poszczególnych genotypów była różna w obu rasach. Wśród badanej grupy loch rasy pbz genotyp homozygotyczny *CC* pojawił się z częstością 0,5750, a heterozygotyczny *CT* – 0,4250. Stąd frekwencja genu *C* wynosiła 0,7875, a *T* 0,2125. Obserwowane frekwencje genotypów różniły się od oczekiwanych, co wskazuje na brak równowagi genetycznej w badanej grupie loch rasy pbz. W grupie loch rasy wbp zdecydowaną większość stanowiły lochy o genotypie *CC*, których frekwencja wyniosła 0,9306. Częstość heterozygot wynosiła tylko 0,0694. W związku z tym frekwencja genu *C* wynosiła 0,9653, a genu *T* 0,0347. Obserwowany rozkład genotypów w tej grupie loch okazał się zgodny z regułą Hardy’ego-Weinberga (tab. 9).

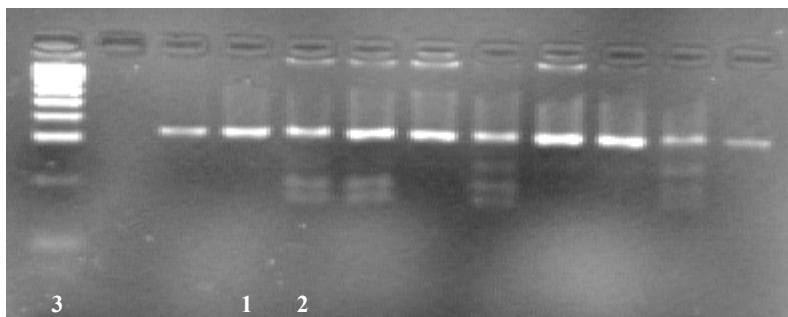
Grupa loch rasy pbz charakteryzowała się większą zmiennością genetyczną w locus *RYRI* w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp, o czym świadczą oszacowane współczynniki heterozygotyczności. O stopniu genetycznej odrębności ras świadczy wielkość dystansu genetycznego, który oszacowany na podstawie frekwencji genotypów w locus *RYRI* w badanej grupie loch wynosi 0,1257 (tab. 10).

Pożądanym genotypem pod względem *RYRI* jest genotyp homozygotyczny *CC*. Wśród badanych stad loch rasy pbz największą częstość występowania tego genotypu odnotowano w stadzie nr 6 (0,7391), a najmniejszą (0,5000) w stadzie nr 1. Obserwowany rozkład genotypów tylko w stadach nr 4 i 6 loch rasy pbz okazał się zgodny z regułą Hardy’ego-Weinberga (tab. 11, 11a), w których to stadach odnotowano także najniższe wartości współczynników heterozygotyczności (tab. 12).

Wśród loch rasy wbp w dwóch stadach (nr 5 i nr 6) nie odnotowano obecności osobników heterozygotycznych. Największy udział loch będących heterozygotami stwierdzono w stadzie nr 2 (0,1842) (tab. 13, 13a). We wszystkich badanych stadach loch rasy wbp stwierdzono rozkład genotypów w locus *RYRI* zgodny z regułą Hardy’ego-Weinberga (tab. 13, 13a). Najwyższy współczynnik heterozygotyczności stwierdzono w stadzie nr 2 (tab. 14).

3.2.2. Polimorfizm *ESR/PvuII*

Stwierdzono występowanie trzech genotypów *AA*, *AB* i *BB* w locus *ESR/PvuII* zarówno w stadzie loch rasy pbz, jak i wbp, co obrazuje fotografia 2.



Fot. 2. Identyfikacja genotypów *ESR/PvuII*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3
 Phot. 2. Identification of the genotypes *ESR/PvuII*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3

Najczęściej w obu rasach obserwowano genotyp heterozygotyczny *AB ESR/PvuII*, odpowiednio w rasie pbz 0,5688, a w rasie wbp 0,5087. Genotypy o najmniejszej częstości to *AA* w grupie loch rasy pbz (0,1688) i *BB* w grupie loch rasy wbp (0,0809). Na podstawie obserwowanej struktury genotypowej stwierdzono, że występują różnice w częstości genów wśród badanych loch obu ras. W grupie loch rasy pbz frekwencja genu *A* wynosiła 0,4532 i genu *B* 0,5469, a rasy wbp odpowiednio 0,6648 i 0,3352. W obu grupach rasowych częstość występowania genotypów była zgodna z regułą Hardy'ego-Weinberga (tab. 9). 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. 10).

Wśród genotypów *ESR/PvuII* najbardziej pożądanym jest genotyp *BB*, który wpływa korzystnie na cechy rozrodcze loch. W grupie loch rasy pbz genotyp ten najczęściej występował w stadzie nr 3, natomiast w stadzie nr 4 nie odnotowano żadnej lochy o tym genotypie (tab. 11, 11a). Spośród analizowanych stad loch, tylko w stadach nr 2 i 3 obserwowano rozkład genotypów zgodny z regułą Hardy'ego-Weinberga (tab. 11, 11a). Obliczone współczynniki heterozygotyczności okazały się stosunkowo wysokie i kształtowały się od 0,6122 (stado nr 2) do 0,9697 (stado nr 3) (tab. 12).

Największy udział genotypu *BB ESR/PvuII* wśród loch rasy wbp występował w stadzie nr 3 (0,2593), natomiast w stadzie nr 2 nie odnotowano żadnej lochy o tym genotypie. Lochy stad nr 1 i 5 charakteryzowały się rozkładem genotypów w badanym locus zgodnym z regułą równowagi genetycznej (tab. 13, 13a). W analizowanych stadach loch rasy wbp obserwowano stosunkowo duże zróżnicowanie pod względem obliczonych współczynników heterozygotyczności, gdyż ich wartości kształtowały się na poziomie od 0,2712 (stado nr 4) do 0,9491 (stado nr 6) (tab. 14).

3.2.3. Polimorfizm *ESR/AvaI*

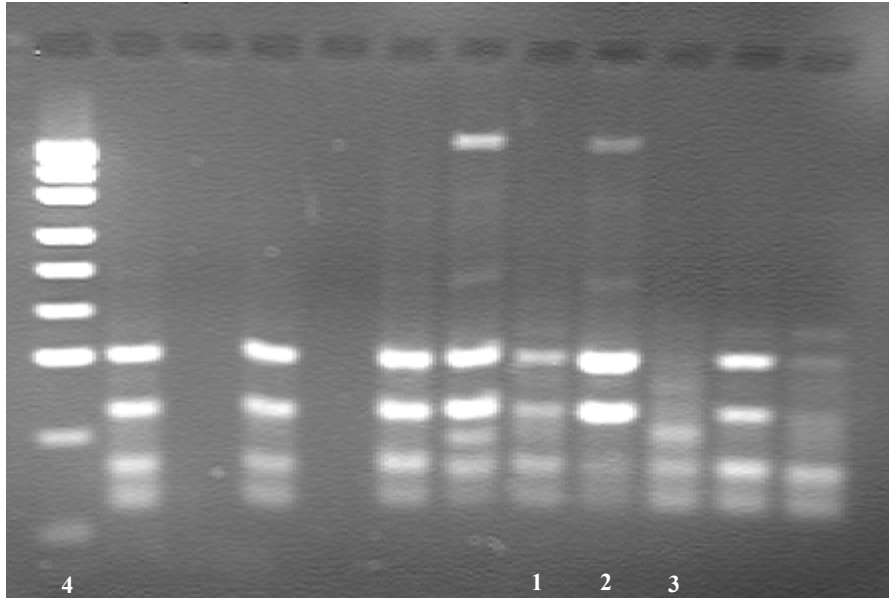
Fotografia 3 przedstawia identyfikację genotypów *WW*, *MW* i *MM* w locus *ESR/AvaI* w badanej grupie loch.

W grupie loch ras pbz i wbp zdecydowanie najczęściej występował genotyp *MW*, którego frekwencja wynosiła odpowiednio 0,7438 i 0,5029, a obliczona frekwencja genów okazała się identyczna w obu grupach rasowych. W grupie loch rasy wbp stwierdzono rozkład genotypów zgodny z regułą Hardy'ego-Weinberga (tab. 9). Współczynnik heterozygotyczności okazał się wyższy w grupie loch rasy pbz, a oszacowany dystans genetyczny między grupami rasowymi był prawie zerowy (tab. 10).

W trzech stadach loch rasy pbz (nr 3, 5 i 6) odnotowano udział genotypów *MW ESR/AvaI* wynoszący ponad 0,9400. W stadach nr 3 i 6 nie obserwowano genotypów *WW ESR/AvaI*, a w stadzie nr 4 genotyp ten wystąpił z częstością 0,6667. Genotyp *MM ESR/AvaI* w poszczególnych stadach występował z najmniejszą częstością, a w stadzie nr 5 nie obserwowano loch o tym genotypie. We wszystkich analizowanych 6 stadach loch rasy pbz rozkład genotypów nie był zgodny z prawem równowagi genetycznej (tab. 11, 11a). W stadzie nr 6 zanotowano najwyższy współczynnik heterozygotyczności wynoszący 0,9778, a w stadzie nr 4 najniższy – 0,3404 (tab. 12).

W badanych stadach rasy wbp lochy o poszczególnych genotypach *ESR/AvaI* występowały z różną częstością. Loch o genotypie *WW* nie obserwowano w stadzie nr 4, a w stadzie nr 3 występowały z częstością 0,7407. Heterozygot *MW* obserwowano najczęściej w stadzie nr 4 (0,9333), a najmniej w stadzie nr 5 (0,1111). Frekwencja homozygot *MM* kształtowała się w granicach od 0,0667 (stada nr 4 i 6) do 0,5000

(stado nr 1) (tab. 13, 13a). W stadach nr 1 i 6 obserwowano częstość genotypów zgodną z regułą Hardy'ego-Weinberga. Wartości obliczonych współczynników heterozygotyczności mieściły się w granicach od 0,2642 (stado nr 3) do 0,9600 (stado nr 2) (tab. 14).



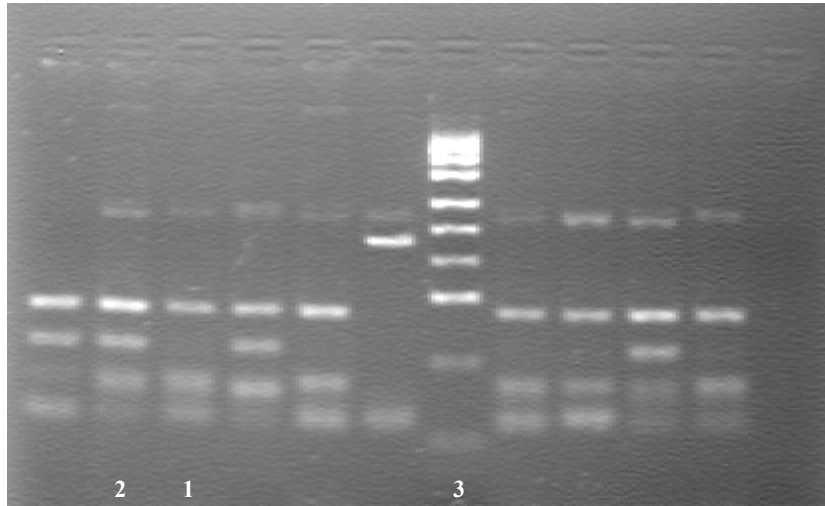
Fot. 3. Identyfikacja genotypów *ESR/AvaI*: *WM* – 1, *WW* – 2, *MM* – 3, DNA marker pUC19/*MspI* – 4

Phot. 3. Identification of the genotypes *ESR/AvaI*: *WM* – 1, *WW* – 2, *MM* – 3, DNA marker pUC19/*MspI* – 4

3.2.4. Polimorfizm *ESR/MspA11*

Obserwowane genotypy *ESR/MspA11* w badanej grupie loch przedstawia fotografia 4. W locus *ESR/MspA11* obserwowano trzy genotypy – *AA*, *AB* i *BB* – zarówno w grupie loch rasy pbz, jak i wbp.

Genotyp *AA* występował z częstością 0,6875 wśród loch rasy pbz, natomiast wśród loch rasy wbp 0,5145. W obu badanych grupach loch sporadycznie obserwowano występowanie genotypu *BB*. Frekwencja genu *A* w grupie loch rasy pbz wynosiła 0,8375, w grupie loch rasy wbp 0,7428. Obserwowana częstość występowania poszczególnych genotypów w obrębie badanych grup rasowych loch była zgodna z regułą Hardy'ego-Weinberga (tab. 9). W grupie loch rasy pbz i wbp obserwowano wysokie współczynniki heterozygotyczności, a oszacowany dystans genetyczny między badanymi grupami okazał się niski (0,0670) (tab. 10).



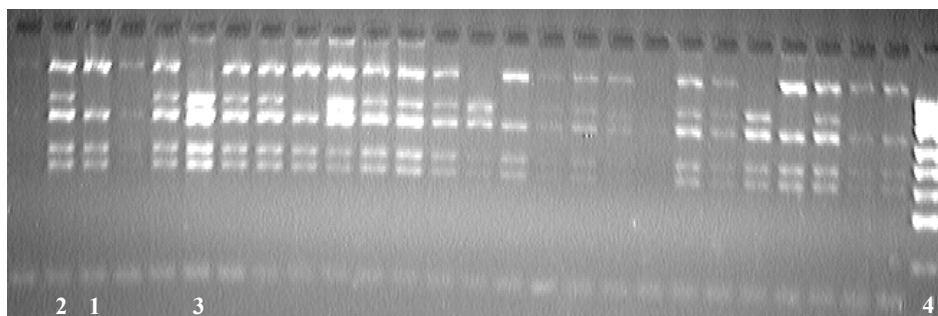
Fot. 4. Identyfikacja genotypów *ESR/MspA1I*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3
 Phot. 4. Identification of the genotypes *ESR/MspA1I*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3

We wszystkich stadach loch rasy pbz najczęściej obserwowano genotyp *AA ESR/MspA1I*, a jego częstość występowania kształtowała się na poziomie od 0,5200 (stado nr 2) do 0,8333 (stado nr 4) (tab. 11, 11a). Z kolei lochy o genotypie *BB ESR/MspA1I* obserwowano tylko w stadach nr 2 i 3, a frekwencja tego genotypu była bardzo niska. W analizowanych 6 stadach loch rasy pbz rozkład genotypów był zgodny z prawem równowagi genetycznej (tab. 11, 11a). Stopień heterozygotyczności w badanych stadach loch rasy pbz kształtował się na poziomie od 0,1702 (stado nr 4) do 0,4898 (stado nr 2) (tab. 12).

Obecność loch o genotypie *BB ESR/MspA1I* odnotowano w stadach loch nr 1, 3 i 6 należących do rasy wbp. Częstość występowania loch o genotypie homozygotycznym *AA* w poszczególnych stadach kształtowała się od 0,2593 (stado nr 3) do 0,7368 (stado nr 2), natomiast heterozygot obserwowano najwięcej w stadzie nr 3 (0,7037), a najmniej w stadzie nr 2 (0,2632) (tab. 13, 13a). W stadach nr 1 i 2 obserwowano rozkład genotypów zgodny z prawem równowagi genetycznej (tab. 13, 13a). Analizowane stada loch rasy wbp różniły się znacznie stopniem heterozygotyczności, gdyż obliczone współczynniki wahały się w granicach od 0,2667 (stado nr 2) do 0,7547 (stado nr 3) (tab. 14).

3.2.5. Polimorfizm *CYP2I/NciI*

W badanej grupie loch określono genotypy *CYP2I/NciI*. Stwierdzono występowanie trzech genotypów *AA*, *AB* i *BB*, co przedstawia fotografia 5.



Fot. 5. Identyfikacja genotypów *CYP21/NciI*: *AA* – 1, *AB* – 2, *BB* – 3, DNA marker pUC19/*MspI* – 4

Phot. 5. Identification of the genotypes *CYP21/NciI*: *AA* – 1, *AB* – 2, *BB* – 3, DNA marker pUC19/*MspI* – 4

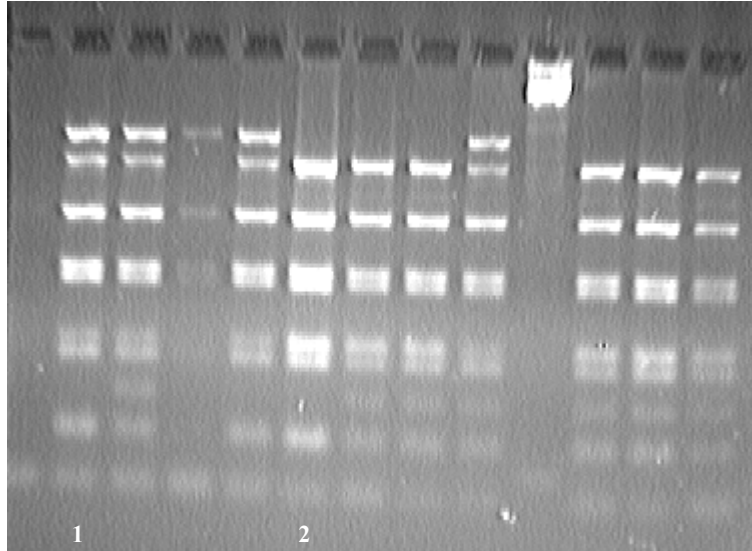
Częstość występowania poszczególnych genotypów w badanej grupie loch rasy pbz była zbliżona do częstości ich występowania wśród badanych loch rasy wbp. Udział zwierząt o genotypie heterozygotycznym *AB* w obu grupach rasowych był zbliżony i wynosił wśród loch rasy pbz 0,4724, a wbp 0,4898. Frekwencja genów w obu badanych grupach rasowych była również zbliżona. W badanych grupach rasowych loch w locus *CYP21/NciI* stwierdzono zrównoważony rozkład genotypów (tab. 9). Wielkość współczynnika heterozygotyczności dla loch rasy pbz wynosiła 0,7905, a dla loch rasy wbp 0,8259. Oszacowany dystans genetyczny między badanymi grupami rasowymi loch na podstawie frekwencji genotypów w locus *CYP21/NciI* okazał się mały i wynosił 0,0191 (tab. 10).

W badanych stadach loch rasy pbz zaobserwowano występowanie wszystkich trzech genotypów *CYP21/NciI*. Lochy o genotypie *AA* najczęściej występowały w stadzie nr 1 (0,7000), a o genotypie *AB* w stadzie nr 4 (0,6667) (tab. 11, 11a). W stadzie nr 2 obserwowano rozkład genotypów niezgodny z prawem równowagi genetycznej. Obserwowano zróżnicowanie w wielkości współczynnika heterozygotyczności, którego wartość wynosiła od 0,3077 (stado nr 1) do 0,9362 (stado nr 4) (tab. 12).

W stadach loch rasy wbp stwierdzono, że lochy o genotypie *BB CYP21/NciI* nie występowały w stadzie nr 1, a o genotypie *AA CYP21/NciI* w stadzie nr 4 (tab. 13, 13a). Największy udział loch o układzie genów *AB* zanotowano w stadzie nr 4 (0,6667). Z kolei w stadzie nr 1 najwięcej występowało loch o genotypie *AA* (tab. 13, 13a). Lochy z tego stada charakteryzował najniższy współczynnik heterozygotyczności wynoszący 0,1017. Najwyższy współczynnik heterozygotyczności odnotowano natomiast w stadzie nr 3 (tab. 14).

3.2.6. Polimorfizm *CYP21/HaeIII*

W genie *CYP21* obserwowano drugie miejsce restrykcyjne. Po cięciu enzymem restrykcyjnym *HaeIII* stwierdzono występowanie trzech genotypów *AA*, *AB* i *BB* zarówno wśród loch rasy pbz, jak i wbp, co przedstawia fotografia 6.



Fot. 6. Identyfikacja genotypów *CYP21/HaeIII*: *AB* – 1, *BB* – 2

Phot. 6. Identification of the genotypes *CYP21/HaeIII*: *AB* – 1, *BB* – 2

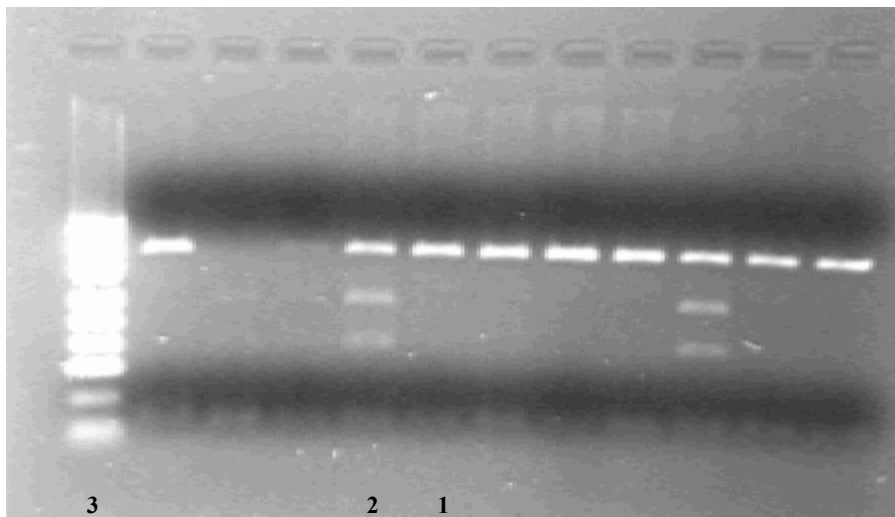
W grupie loch rasy pbz najczęściej obserwowanym genotypem był genotyp *BB* o frekwencji 0,5276, a w grupie loch rasy wbp genotyp *AB*, którego frekwencja wynosiła 0,6599. W obu badanych grupach rasowych loch stwierdzono wyższą frekwencję genu *B* w porównaniu z frekwencją genu *A*. Obserwowana struktura genetyczna w badanych grupach loch ras pbz i wbp okazała się niezgodna z regułą Hardy'ego-Weinberga (tab. 9). Współczynnik heterozygotyczności był znacznie wyższy w grupie loch rasy wbp w porównaniu z badaną grupą loch rasy pbz, a oszacowany dystans genetyczny między grupami loch rasy pbz i wbp wynosił 0,1164 (tab. 10).

Udział loch o poszczególnych genotypach *CYP21/HaeIII* okazał się bardzo zróżnicowany w badanych stadach loch rasy pbz. W stadach nr 2 i 3 występowało najwięcej loch o genotypie *BB*, a frekwencja genotypu wynosiła odpowiednio 0,7200 i 0,6800. Z kolei w stadzie nr 4 najliczniej reprezentowany był genotyp *AA* (częstość 0,7500), a w stadzie nr 1 genotyp *AB* (częstość 0,6000). Rozkład genotypów zgodny z regułą Hardy'ego-Weinberga obserwowano w stadach nr 2 i 3 (tab. 11, 11a). Jednocześnie były to stada, dla których otrzymano zbliżone i stosunkowo wysokie wartości współczynników heterozygotyczności (tab. 12).

W badanych stadach loch rasy wbp najczęściej obserwowano heterozygotyczny układ alleli *CYP21/HaeIII*, a częstość występowania heterozygot wynosiła od 0,5000 (stado nr 5) do 0,9333 (stado nr 4) (tab. 13, 13a). Lochy homozygotyczne *AA* najliczniej występowały w stadzie nr 5 (0,5000), w którym nie stwierdzono obecności homozygot *BB*. W stadzie nr 4 również nie obserwowano homozygot *BB*. Najwięcej osobników homozygotycznych *BB* (0,3684) występowało w stadzie nr 2 (tab. 13, 13a). Tylko wśród loch stada nr 1 zanotowano zrównoważony rozkład genotypów (tab. 13, 13a). W badanych stadach loch stwierdzono stosunkowo wysokie wartości współczynników heterozygotyczności w odniesieniu do locus *CYP21/HaeIII* (tab. 14).

3.2.7. Polimorfizm *IGF1R/Crf42I*

Kolejnym identyfikowanym polimorfizmem był *IGF1R/Crf42I*. Obserwowane genotypy loch ras pbz i wbp przedstawiono na fotografii 7.



Fot. 7. Identyfikacja genotypów *IGF1R/Crf42I*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3
 Phot. 7. Identification of the genotypes *IGF1R/Crf42I*: *AA* – 1, *AB* – 2, DNA marker pUC19/*MspI* – 3

W badanej grupie loch obu ras obserwowano trzy genotypy *IGF1R* – *AA*, *AB* i *BB*. Spośród trzech genotypów zdecydowanie najczęściej w obu rasach obserwowano genotyp *AA*, którego częstość występowania wśród loch rasy pbz wynosiła 0,7313, a rasy wbp 0,8671. W obu rasach odnotowano bardzo niewielki udział genotypu *BB*. Wśród loch rasy pbz obserwowano frekwencję genu *A* wynoszącą 0,8470 i genu *B* 0,1530. W badanej grupie loch rasy wbp częstość genu *A* wynosiła 0,9249, a genu *B* 0,0751. W grupie loch ras pbz i wbp obserwowano rozkład genotypów zgodny z regułą Hardy’ego-Weinberga (tab. 9). Jednocześnie w obu grupach rasowych loch zanotowano wysokie współczynniki heterozygotyczności, a obliczona wartość dystansu genetycznego okazała się niska – 0,0551 (tab. 10).

Lochy rasy pbz o genotypie *AA IGF1R* występowały najczęściej w stadzie nr 3 (0,9200), a w stadzie nr 5 było ich najmniej (0,3889). Z kolei lochy o genotypie *AB* najliczniej były reprezentowane w stadzie nr 5 (0,6111), najmniej licznie w stadzie nr 3 (0,0600). Lochy o genotypie *BB* obserwowano najczęściej w stadzie nr 1 (0,2000), natomiast w trzech stadach (nr 2, 4, 5) odnotowano brak zwierząt o tym genotypie. Obserwowane częstości występowania genotypów w stadach loch nr 2, 4 i 6 były zgodne z prawem równowagi genetycznej (tab. 11, 11a). Najniższą heterozygotyczność w locus *IGF1R/Crf42I* zanotowano w stadzie nr 3 (0,0808), a najwyższą w stadzie nr 5 (0,6286) loch rasy pbz (tab. 12).

W badanych stadach loch rasy wbp zaobserwowano najmniejsze zróżnicowanie pod względem genotypu *IGF1R*, ponieważ aż w trzech stadach (nr 2, 5 i 6) były lochy tylko o genotypie *AA*. Najliczniej występowały osobniki heterozygotyczne w stadzie nr 3 (0,3333). Bardzo nieliczne lochy o genotypie *BB* pojawiły się w stadzie nr 1 (0,0667) i w stadzie nr 3 (0,0370) (tab. 13, 13a). Frekwencja genotypów w analizowa-

nych stadach loch rasy wbp była zgodna z prawem równowagi genetycznej (tab. 11, 11a). Tylko dla trzech stad (nr 1, 3 i 4) możliwe było określenie współczynnika heterozygotyczności (tab. 14).

3.3. Wartości cech charakteryzujących użytkowość rozrodczą badanych loch z różnymi genotypami *RYR1/HhaI*, *ESR/PvuII*, *ESR/AvaI*, *ESR/MspA1I*, *CYP21/NciI*, *CYP21/HaeIII*, *IGF1R/Crf42I*

3.3.1. Polimorfizm *RYR1/HhaI*

W badanej grupie loch należących do ras pbz i wbp stwierdzono występowanie dwóch genotypów *RYR1* – *CC* i *CT* (tab. 15 i 16).

Lochy rasy pbz o genotypie *CT* w pierwszym miocie rodziły nieznacznie więcej prosiąt w porównaniu z lochami o genotypie *CC* – odpowiednio 11,29 i 11,16. Jednakże lochy o genotypie *CT* odchowywały mniej potomstwa do wieku 21 dni – 10,60 wobec 10,72 prosiąt odchowywanych przez matki o genotypie *CC*. Wśród loch rasy pbz o genotypach *CC* i *CT* obserwowano zbliżoną zmienność liczby urodzonych i odchowanych prosiąt w pierwszym miocie.

Lochy rasy wbp o genotypie *CC* rodziły więcej prosiąt w pierwszym miocie niż lochy o genotypie *CT*. Analizując różnice obserwowane w pierwszym miocie między grupami loch należy podkreślić brak istotnych statystycznie różnic między liczbą urodzonych prosiąt przez lochy o genotypach *CC* i *CT* w obrębie rasy pbz jak i wbp. Nie stwierdzono także statystycznie istotnych różnic między liczbą odchowanych prosiąt przez matki o różnych genotypach *RYR1/HhaI* w obrębie badanych ras.

Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w drugim miocie przez lochy o genotypach *CC* i *CT* była bardzo zbliżona do siebie wśród loch rasy pbz i wynosiła odpowiednio 11,54 i 11,46. Także liczba odchowanych prosiąt była zbliżona w obu grupach genetycznych.

W badanej grupie loch rasy wbp lochy o genotypie *CC* rodziły i odchowywały w drugim miocie więcej prosiąt niż lochy o genotypie *CT*. Nie zaobserwowano istotnych statystycznie różnic w liczbie urodzonych i odchowanych prosiąt w drugim miocie przez matki o różnych genotypach w obrębie rasy.

Liczba prosiąt żywo urodzonych w trzecim miocie przez lochy rasy pbz o genotypach *CT* i *CC* była zbliżona i wynosiła odpowiednio 12,23 i 12,18. Liczba odchowanych prosiąt do 21. dnia życia była prawie jednakowa w obu grupach genetycznych (*CC* i *CT*). Lochy rasy wbp o genotypie *CT* w trzecim miocie rodziły i odchowywały do 21. dnia życia więcej prosiąt w porównaniu z lochami o genotypie *CC*. Obserwowane różnice między lochami o genotypach *CC* i *CT* w obrębie ras okazały się nieistotne statystycznie.

W czwartym miocie obserwowano nieznacznie większą liczbę prosiąt żywo urodzonych przez lochy o genotypie *CT* w porównaniu z lochami o genotypie *CC*. Zależność tę obserwowano wśród loch rasy pbz. Stwierdzono także nieznacznie liczniejsze mioty w 21 dniu u loch o genotypie *CC* (11,25) w porównaniu z lochami o genotypie *CT* (11,16).

Tabela 15. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch rasy polska biała zwisloucha (pbz) i wielka biała polska (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *RYR1/Hhal*

Table 15. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *RYR1/Hhal* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
			pbz – PL		wbp – PLW			
			<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>NN</i>	<i>Nn</i>
	I	2	3	4	5	6		
	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	342,99 4,16	343,44 4,84	354,00 6,15	331,92 11,52		
I miot 1 st litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,16 0,40	11,29 0,38	10,96 0,29	10,44 0,38		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,72 0,37	10,60 0,36	10,61 0,27	10,67 0,35		
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	194,02 9,50	197,27 9,26	168,36 11,59	170,97 14,53		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,54 0,44	11,46 0,43	11,90 0,47	11,73 0,59		
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,83 0,33	10,84 0,32	11,77 0,41	11,37 0,52		
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	250,77 11,56	247,61 11,99	177,91 8,94	181,37 11,27		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,18 0,45	12,23 0,47	11,97 0,60	12,02 0,75		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,48 0,44	11,50 0,46	10,98 0,46	11,26 0,58		

cd. tabeli 15 – Table 15 continued

	1	2	3	4	5	6
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	201,18 15,14	199,81 16,33	168,77 14,05	174,26 18,98
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	12,29 0,53	12,33 0,58	12,16 0,56	12,98 0,76
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	183,98 12,94	186,10 13,92	165,50 7,18	169,01 9,99
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,75 0,53	11,85 0,57	12,79 0,56	14,04 0,78
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	LSM SE	163,42 12,46	159,32 12,61	163,41 12,86	157,85 19,07
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,27 0,62	10,89 0,63	11,74 0,66	11,29 0,98
		LSM SE	10,74 0,42	10,48 0,43	11,63 0,57	10,89 0,84

Lochy rasy wbp o genotypie *CT* rodziły więcej prosiąt w czwartym miocie (12,98) w porównaniu z lochami o genotypie *CC* (12,16).

Z kolei liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia w miotach loch o genotypach *CC* i *CT* należących do rasy wbp wynosiła 10,92 i 11,12 prosięcia.

W obrębie ras nie obserwowano istotnych różnic między grupami loch o różnych genotypach zarówno pod względem liczby żywo urodzonych prosiąt, jak i odchowanych do 21. dnia życia.

Lochy o genotypie *CT* zachowały swoją nieznaczną przewagę nad lochami o genotypie *CC* również w piątym miocie pod względem liczby żywo urodzonych prosiąt, a zależność ta dotyczyła obu badanych ras. Większą zmienność pod względem tej cechy obserwowano wśród loch o genotypie *CT* w stosunku do loch o genotypie *CC* w obu badanych grupach rasowych. Lochy o genotypie *CT* w obu rasach odchowywały również więcej prosiąt niż lochy o genotypie *CC*.

Wśród loch, od których otrzymano 6. miot, stwierdzono liczbę żywo urodzonych prosiąt większą u loch rasy pbz o genotypie *CC* (11,27) w porównaniu z lochami o genotypie *CT* (10,89). Taką samą zależność zaobserwowano u loch rasy wbp. Należy zauważyć, że lochy, które urodziły liczniejsze mioty odchowały także liczniejsze potomstwo do 21. dnia życia.

Analizując kolejne sześć miotów stwierdzono wzrost liczby żywo urodzonych prosiąt w miocie do czwartego miotu u loch rasy pbz oraz do piątego u loch rasy wbp. Spostrzeżenie to dotyczy obu obserwowanych genotypów (*CC* i *CT*). Takiej jednoznacznej tendencji nie obserwowano w odniesieniu do liczby odchowanych prosiąt do 21. dnia życia.

Większą zmiennością wyrażoną odchyleniem standardowym pod względem analizowanych cech charakteryzowały się lochy rasy wbp. W przypadku liczby żywo urodzonych prosiąt w miocie największą zmienność obserwowano u loch rasy wbp o genotypie *CT* (od 0,38 w I miocie do 0,98 w VI miocie), a najmniejszą u loch rasy pbz o genotypie *CC* (od 0,40 w I miocie do 0,62 w VI miocie). Pod względem liczby odchowanych prosiąt do 21. dnia życia największą zmienność stwierdzono w grupie loch rasy wbp o genotypie *CT* (od 0,35 w I miocie do 0,84 w VI miocie), a najmniejszą u loch rasy pbz o genotypie *CC* (od 0,33 w II miocie do 0,54 w IV miocie).

Różnice w średniej liczbie urodzonych i odchowanych prosiąt w czterech miotach przez lochy o genotypach *CC* i *CT* są nieznaczące zarówno w grupie loch rasy pbz, jak i wbp. Lochy rasy wbp łącznie w czterech miotach rodziły i odchowywały średnio więcej prosiąt w porównaniu z lochami rasy pbz. Najliczniejsze mioty obserwowano u loch rasy wbp o genotypie *CC* pod względem urodzonych prosiąt (12,06) oraz odchowanych (11,16). Najmniej liczne mioty stwierdzono w grupie loch rasy pbz o genotypie *CC* w odniesieniu do średniej liczby urodzonych prosiąt (11,73), a o genotypie *CT* – do średniej liczby odchowanych prosiąt (10,94).

Lochy rasy pbz o genotypach *CC* i *CT* łącznie w pięciu miotach urodziły średnio bardzo zbliżoną liczbę prosiąt, odchowały natomiast do 21. dnia życia prawie ich identyczną liczbę. Wśród loch rasy wbp o genotypach *CC* i *CT* stwierdzono, że lochy z obu grup genotypowych średnio łącznie urodziły i odchowały także zbliżoną liczbę prosiąt w kolejnych pięciu miotach.

Uwzględniając średnią liczbę potomstwa urodzoną w ciągu sześciu miotów stwierdzono, że grupy loch różniące się pod względem genotypu urodziły i odchowały prawie identyczną ilość potomstwa w ciągu sześciu miotów. Spostrzeżenie to dotyczy loch ras pbz i wbp.

Tabela 16. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch rasy polskiej białej zwiastouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *RYR1/Hhal*

Table 16. Reproduction traits of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *RYR1/Hhal* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
			pbz – PL		wbp – PLW			
			<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>NN</i>	<i>Nn</i>	<i>NN</i>	<i>Nn</i>
I-IV miot Litters 1-4	Średni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	LSM SE	217,83 8,43	218,94 9,10	170,44 7,95	174,30 10,74		
	Srednia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in litter	LSM SE	11,73 0,29	11,81 0,31	12,06 0,25	11,96 0,34		
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in litter	LSM SE	11,01 0,21	10,94 0,23	11,16 0,21	11,15 0,28		
	Średni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	LSM SE	205,15 6,62	207,76 7,13	166,10 7,09	171,28 9,87		
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in litter	LSM SE	11,83 0,29	11,95 0,31	12,47 0,26	12,79 0,36		
	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in litter	LSM SE	11,14 0,20	11,13 0,21	10,86 0,20	11,15 0,27		
I-VI miot Litters 1-6	Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	LSM SE	185,53 7,56	187,04 7,65	168,43 4,78	176,51 7,09		
	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in litter	LSM SE	11,77 0,38	11,83 0,38	12,40 0,27	12,67 0,41		
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in litter	LSM SE	11,23 0,22	11,12 0,22	11,04 0,21	11,26 0,31		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	70,62 2,26	70,98 2,28	74,39 1,64	76,03 2,43		
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt odchowanych do 21. życia dnia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	67,35 1,32	66,69 1,34	66,22 1,25	67,55 1,86		

Łącznie w sześciu miotach najwięcej prosiąt otrzymano od loch rasy wbp o genotypie *CT* (76,03 prosiąt). Najmniej liczne potomstwo w sześciu miotach otrzymano od loch rasy pbz o genotypie *CC* (70,62 prosiąt).

Analizując liczbę prosiąt odchowanych do 21. dnia życia nie stwierdzono istotnych różnic pod względem tej cechy między lochami o różnych genotypach w obrębie ras. Najwięcej prosiąt odchowały lochy rasy wbp o genotypie *CT* (67,55 prosiąt), a najmniej o genotypie *CC* tej samej rasy (66,22 prosiąt).

Kolejnymi cechami charakteryzującymi rozród świń jest wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych (tab. 15, 16).

W badanej grupie loch najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy rasy wbp o genotypie *CT* (około 332 dni), a najstarsze lochy rasy wbp o genotypie *CC* (354 dni). Natomiast wśród loch rasy pbz stwierdzono zbliżony wiek pierwszego oproszenia, który wynosił dla loch o genotypie *CC* prawie 343 dni, a dla loch o genotypie *CT* nieco ponad 343 dni. Obserwowane różnice w wieku pierwszego oproszenia okazały się nieistotne między grupami loch o różnych genotypach w obrębie ras.

Okres między pierwszym a drugim oproszeniem był najkrótszy u loch rasy wbp o genotypie *CC* – wynosił nieco ponad 168 dni i był zbliżony pod względem wielkości u loch o genotypie *CT* tej samej rasy. Lochy rasy pbz o genotypie *CT* charakteryzował najdłuższy okres międzymiotu – ponad 197 dni, a lochy o genotypie *CC* 194 dni. Obserwowane różnice w długości okresu między pierwszym a drugim miotem okazały się nieistotne między lochami o różnych genotypach w obrębie obu ras.

Okres między drugim a trzecim oproszeniem u loch rasy pbz o genotypie *CC* był dłuższy niż u loch tej samej rasy o genotypie *CT* i wynosił odpowiednio około 251 oraz 248 dni. Wśród loch rasy wbp obserwowano krótsze cykle rozplodowe, a mianowicie dla loch o genotypie *CT* ponad 181 dni i dla loch o genotypie *CC* około 178 dni. Obserwowane różnice między zwierzętami z różnymi genotypami *RYRI* w obrębie rasy pod względem długości okresu między drugim a trzecim oproszeniem okazały się nieistotne.

Lochy rasy wbp o genotypie *CC* wykazały najkrótszy okres między trzecim a czwartym oproszeniem spośród badanych grup, wynosił on ponad 168 dni. Najdłuższy okres między trzecim a czwartym oproszeniem obserwowano u loch rasy pbz o genotypie *CC* – ponad 201 dni. Różnice między lochami o różnych genotypach w obrębie ras pod względem długości okresu między trzecim a czwartym oproszeniem okazały się nieistotne.

Z kolei między czwartym a piątym oproszeniem najkrótszy okres międzymiotu obserwowano u loch rasy wbp o genotypie *CC*, a najdłuższy u loch rasy pbz o genotypie *CT*, wynosiły one odpowiednio ponad 165 i 186 dni.

W odniesieniu do okresu międzymiotu między piątym a szóstym oproszeniem zaobserwowano identyczną jego długość około 163 dni u loch ras pbz i wbp o genotypie *CC*.

Analizując długość okresu międzymiotu pomiędzy kolejnymi oproszeniami stwierdzono, że najdłuższy okres we wszystkich grupach genetycznych badanych loch był między drugim a trzecim oproszeniem. Następnie obserwowano skracanie się cyklu rozplodowego we wszystkich badanych grupach genetycznych loch.

Średnia długość trwania okresów między miotami od 1. do 4. miotu u loch rasy pbz o genotypach *CC* i *CT* była zbliżona i wynosiła odpowiednio około 218 i 219 dni. Lochy rasy wbp charakteryzowały się znacznie krótszymi okresami pomiędzy kolejnymi miotami w porównaniu z lochami rasy pbz. W obrębie rasy wbp średni okres międzymiotu

dzymiotu od 1. do 4. miotu u loch o genotypie *CC* wynosił ponad 170 dni i był krótszy o około 4 dni w porównaniu z lochami o genotypie *CT* (około 174 dni).

Uwzględniając pięć kolejnych oproszeń stwierdzono znaczne skrócenie średniego okresu międzymiotu w badanych grupach loch rasy pbz. Wśród loch rasy wbp obserwowano także skrócenie okresu międzymiotu, jednak mniejsze niż u loch rasy pbz.

Średni okres międzymiotu od 1. do 6. miotu okazał się mniej zróżnicowany pomiędzy lochami ras pbz i wbp. Wśród loch rasy pbz o genotypach *CC* i *CT* obserwowano bardzo zbliżoną średnią długość trwania okresów międzymiotów, wynoszącą odpowiednio ponad 185 i około 187 dni. Lochy rasy wbp o genotypach *CC* i *CT* charakteryzowały się większym zróżnicowaniem pod względem średniego okresu międzymiotu – wynosił on odpowiednio ponad 168 i 176 dni.

Analizując średni czas trwania cyklu rozplodowego stwierdzono, że lochy o genotypie *CC* wykazywały krótszy okres międzymiotu niż lochy o genotypie *CT* wśród osobników ras pbz i wbp.

3.3.2. Polimorfizm *ESR/PvuII*

W badanej grupie loch ras wbp i pbz stwierdzono występowanie trzech genotypów *ESR/PvuII* – *AA*, *AB* i *BB* (tab. 17 i 18).

Lochy rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* w pierwszym miocie rodziły i odchowywały do wieku 21 dni zbliżoną liczbę prosiąt. Lochy o genotypie *BB* w porównaniu z lochami o genotypach *AA* i *AB* urodziły i odchowały do wieku 21 dni mniej liczne mioty. Taką samą zależność obserwowano wśród loch rasy wbp.

Badając liczbę żywo urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia nie stwierdzono istotnych różnic w średnich wartościach tych cech między badanymi grupami genetycznymi loch w obrębie ras.

Oceniając drugi miot stwierdzono, że liczniejsze mioty w chwili urodzenia otrzymano od loch o genotypie *AA* w rasie pbz i *BB* od loch rasy wbp. W wieku 21 dni liczniejsze mioty obserwowano u loch rasy pbz o genotypie *AA* (10,98 prosiąt) niż loch o genotypach *AB* (10,72 prosiąt) i *BB* (10,82 prosiąt). Wśród loch rasy wbp lochy o genotypie *BB* odchowały więcej prosiąt (11,96) niż lochy o genotypach *AA* (11,49) i *AB* (11,26). Obserwowane różnice w liczbie prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia w drugim miocie okazały się nieistotne między lochami o różnych genotypach *ESR/PvuII* w obrębie ras pbz i wbp.

W trzecim miocie wśród loch rasy pbz najliczniejsze mioty po urodzeniu i liczbę prosiąt odchowanych do 21. dnia życia otrzymano od loch o genotypie *BB*, a od loch rasy wbp – o genotypie *AA*. Różnice w liczbie prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia przez lochy o różnych genotypach tej samej rasy okazały się nieistotne.

Pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych w czwartym miocie najlepsze okazały się lochy o genotypie *AA* rasy pbz i *BB* rasy wbp, u których liczebność miotów wynosiła odpowiednio 13,05 i 12,91. Lochy rasy pbz o genotypie *AA* odchowały więcej prosiąt niż lochy tej samej rasy o genotypach *AB* i *BB*. Wśród loch rasy wbp najwięcej odchowywały prosiąt do 21. dnia lochy o genotypie *BB*. Nie stwierdzono istotnych różnic w liczbie żywo urodzonych prosiąt i w liczbie odchowanych prosiąt do 21. dnia przez lochy o różnych genotypach w obrębie rasy pbz jak i wbp.

Tabela 17. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwisłouchiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *ESR/PvuII*

Table 17. Reproduction trait characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *ESR/PvuII* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed								
			pbz – PL				wbp – PLW				
			Genotyp – Genotype <i>ESR/PvuII</i>								
			AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB
	I	2	3	4	5	6	7	8			
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	341,07 7,61	337,19 4,15	357,52 6,10	346,00 4,69	355,49 4,22	366,36 10,57			
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,31 0,46	11,39 0,38	10,98 0,40	10,77 0,33	10,96 0,31	10,37 0,40			
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,82 0,43	10,83 0,35	10,33 0,38	10,81 0,30	10,66 0,29	10,44 0,37			
II miot 2 nd litter	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	192,36 11,14	196,19 8,98	198,38 9,69	170,04 12,69	166,75 12,19	172,20 15,42			
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,75 0,51	11,59 0,41	11,15 0,45	11,63 0,52	11,33 0,50	12,49 0,63			
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,98 0,39	10,72 0,31	10,82 0,34	11,49 0,45	11,26 0,43	11,96 0,55			
III miot 3 rd litter	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	263,38 14,13	248,02 11,27	236,16 12,16	183,89 9,91	183,32 9,49	171,70 12,88			
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,25 0,55	11,95 0,44	12,41 0,47	12,16 0,66	11,96 0,63	11,86 0,86			
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,55 0,54	11,31 0,43	11,59 0,46	11,34 0,51	11,43 0,49	10,58 0,67			

cd. tabeli 17 – Table 17 continued

1		2	3	4	5	6	7	8
Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)		LSM	217,34	197,63	186,52	177,67	175,50	161,37
		SE	19,65	14,89	16,20	16,62	15,44	20,64
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	13,05	11,97	11,91	12,56	12,24	12,91
		SE	0,69	0,52	0,57	0,66	0,62	0,83
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	11,77	11,00	10,85	11,07	10,86	11,20
		SE	0,69	0,53	0,57	0,50	0,47	0,62
Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)		LSM	189,73	183,71	181,68	164,58	165,37	171,82
		SE	17,06	12,49	13,52	8,47	7,79	10,63
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	12,11	12,10	11,19	13,70	13,26	13,28
		SE	0,70	0,51	0,56	0,66	0,60	0,83
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	11,50	11,43	11,28	10,38	10,15	10,50
		SE	0,56	0,41	0,45	0,50	0,46	0,63
Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)		LSM	166,42	160,39	157,30	173,80	157,63	150,46
		SE	15,56	11,42	12,87	16,14	14,50	19,00
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	10,91	11,27	11,07	11,21	11,34	11,98
		SE	0,78	0,57	0,65	0,83	0,75	0,98
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	10,72	10,53	10,58	11,33	11,15	11,30
		SE	0,52	0,39	0,43	0,71	0,64	0,84

Tabela 18. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *ESR/PvuII*Table 18. Reproduction trait characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *ESR/PvuII* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
			pbz – PL			wbp – PLW		
			Genotyp – Genotype <i>ESR/PvuII</i>					
			AA	AB	BB	AA	AB	BB
I-IV miot Litters 1-4	Sredni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni)	LSM	230,79	216,56	207,82	176,42	173,26	167,43
	Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	SE	10,94	8,29	9,02	9,40	8,74	11,68
	Srednia liczba prosiat żywo urodzonych w miocie	LSM	12,10	11,66	11,55	11,93	11,83	12,27
	Mean number of piglets born alive in the litter	SE	0,37	0,28	0,31	0,29	0,27	0,37
I-V miot Litters 1-5	Srednia liczba prosiat odchowanych do 21. dnia życia w miocie	LSM	11,24	10,88	10,81	11,17	11,05	11,25
	Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	SE	0,28	0,21	0,23	0,25	0,23	0,31
	Sredni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni)	LSM	218,14	200,65	200,58	171,13	169,02	165,92
	Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	SE	8,74	6,40	6,93	8,36	7,69	10,50
I-VI miot Litters 1-6	Srednia liczba prosiat żywo urodzonych w miocie	LSM	12,27	11,78	11,61	12,54	12,43	12,91
	Mean number of piglets born alive in the litter	SE	0,38	0,28	0,30	0,30	0,28	0,38
	Srednia liczba prosiat odchowanych do 21. dnia życia w miocie	LSM	11,44	10,98	11,00	10,98	10,88	11,16
	Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	SE	0,26	0,19	0,20	0,23	0,21	0,29
I-VI miot Litters 1-6	Sredni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni)	LSM	195,64	179,44	183,77	173,05	172,42	171,93
	Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	SE	9,44	6,93	7,81	6,00	5,39	7,06
	Srednia liczba prosiat żywo urodzonych w miocie	LSM	12,03	11,72	11,67	12,50	12,27	12,84
	Mean number of piglets born alive in the litter	SE	0,47	0,34	0,39	0,34	0,31	0,41
I-VI miot Litters 1-6	Srednia liczba prosiat odchowanych do 21. dnia życia w miocie	LSM	11,49	10,95	11,07	11,22	10,94	11,28
	Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	SE	0,27	0,20	0,23	0,26	0,24	0,31
	Liczba prosiat żywo urodzonych	LSM	72,15	70,27	69,99	75,01	73,62	77,00
	Number of piglets born alive	SE	2,82	2,07	2,33	2,06	1,86	2,43
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiat odchowanych do 21. dnia życia	LSM	68,95	65,68	66,43	67,29	65,67	67,70
	Number of piglets reared until day 21	SE	1,65	1,21	1,36	1,57	1,41	1,85

Lochy rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* rodziły i odchowywały bardzo zbliżoną liczbę prosiąt w piątym miocie, a lochy o genotypie *BB* urodziły i odchowały mniej prosiąt w porównaniu z nimi. W grupie loch rasy wbp obserwowano bardzo zbliżoną liczbę żywo urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia we wszystkich trzech grupach genotypowych *ESR/PvuII*. Jednocześnie stwierdzono największe różnice pomiędzy liczbą urodzonych a odchowanych prosiąt.

W szóstym miocie u loch rasy pbz o genotypie *AB* stwierdzono nieznacznie większą liczbę urodzonych prosiąt, natomiast nieco więcej odchowywały lochy o genotypie *AA*. Z kolei wśród loch rasy wbp niewielką przewagę pod względem liczby urodzonych prosiąt wykazywały lochy o genotypie *BB*.

Analizując liczbę żywo urodzonych prosiąt w kolejnych sześciu miotach stwierdzono u loch rasy pbz – niezależnie od genotypu – najmniej liczne mioty w pierwszym oproszeniu. Lochy o genotypie *AA* urodziły najliczniejsze mioty podczas czwartego oproszenia (13,05 prosiąt), o genotypie *AB* w piątym oproszeniu (12,10 prosiąt), a lochy o genotypie *BB* w trzecim oproszeniu (12,41 prosiąt). Z kolei lochy rasy wbp – niezależnie od genotypu – urodziły najliczniejsze mioty podczas piątego oproszenia.

Analizując cztery mioty łącznie obserwowano niewielkie, nieistotne różnice w średniej liczbie prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia przez lochy o różnych genotypach *ESR/PvuII* w obrębie obu ras. Należy jednakże zauważyć nieznacznie większą średnią liczbę prosiąt urodzonych przez lochy rasy pbz o genotypie *AA* (12,10 prosiąt) i rasy wbp o genotypie *BB* (12,27 prosiąt). Liczba odchowanych prosiąt do 21. dnia życia była zbliżona w grupach loch reprezentujących genotypy *AB* i *BB* w rasie pbz oraz nieco większa u loch tej rasy o genotypie *AA*. Lochy rasy wbp odchowały średnio w czterech miotach zbliżoną liczbę prosiąt niezależnie od genotypu.

Z kolei średnia liczba urodzonych żywo prosiąt w pięciu miotach okazała się większa u loch należących do rasy pbz o genotypie *AA* (12,27 prosiąt) oraz o genotypie *BB* u loch rasy wbp (12,91 prosiąt). Lochy o tych genotypach także odchowały średnio nieco więcej prosiąt w pięciu miotach w porównaniu z lochami o pozostałych genotypach w obrębie ras.

Średnio w sześciu miotach najwięcej prosiąt urodziły lochy rasy pbz o genotypie *AA* (12,03 prosiąt) i *BB* rasy wbp (12,84 prosiąt) w porównaniu z lochami o pozostałych genotypach w obrębie każdej rasy. Lochy rasy wbp odchowały średnio bardzo zbliżone liczby prosiąt łącznie w sześciu miotach – od 10,94 prosięcia (lochy o genotypie *AB*) do 11,28 prosiąt (lochy o genotypie *BB*). Wśród loch rasy pbz zaobserwowano natomiast nieco większe zróżnicowanie, gdyż lochy o genotypie *AA* odchowały do wieku 21 dni średnio 11,49 prosiąt, a lochy o genotypie *AB* średnio 10,95 prosiąt.

Uwzględniając łączną liczbę żywo urodzonych prosiąt przez lochy o trzech genotypach *AA*, *AB* i *BB* stwierdzono, że lochy rasy pbz rodziły mniej prosiąt w porównaniu z lochami o tych samych genotypach rasy wbp. Z kolei liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia nie wykazywała takiego zróżnicowania pomiędzy lochami należącymi do ras pbz i wbp o analizowanych genotypach. Wśród loch rasy pbz najwięcej łącznie w sześciu miotach urodziły lochy o genotypie *AA* (72,15 prosiąt) i one również odchowały najliczniejszą grupę prosiąt do 21. dnia życia (68,95 prosiąt). Z kolei najwięcej w sześciu miotach urodziły lochy rasy wbp o genotypie *BB* (77,00 prosiąt), lecz odchowały do wieku 21 dni tylko 67,70 prosiąt.

Należy podkreślić, że obserwowane różnice między lochami o różnych genotypach w obrębie ras okazały się nieistotne, pod względem analizowanych cech dotyczących rozrodu.

Cechami charakteryzującymi rozród sów jest także wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych (tab. 17, 18).

Wśród badanych loch ras pbz i wbp zaobserwowano, że lochy o genotypie *BB* były najstarsze w chwili pierwszego oproszenia, a ich wiek wynosił odpowiednio ponad 357 i 366 dni. Natomiast najmłodsze okazały się lochy rasy pbz o genotypie *AB* (nieco ponad 337 dni) i rasy wbp o genotypie *AA* (346 dni) w chwili pierwszego oproszenia.

Spośród loch rasy pbz najkrótszym okresem pomiędzy pierwszym a drugim oproszeniem charakteryzowały się lochy o genotypie *AA* (ponad 192 dni), a najdłuższym o genotypie *BB* (ponad 198 dni). Największą zmienność pod względem tej cechy obserwowano u loch o genotypie *AA*. Wśród loch rasy wbp najkrótszy okres pomiędzy pierwszym a drugim oproszeniem miały lochy o genotypie *AB* (ponad 166 dni), a najdłuższy o genotypie *BB* (172 dni). Różnice, jakie występowały pomiędzy badanymi grupami loch o różnych genotypach okazały się nieistotne w obrębie ras pod względem długości cyklu rozplodowego.

W badanej grupie loch rasy pbz okres między drugim a trzecim miotem był najdłuższy u loch o genotypie *AA* (ponad 263 dni). W grupie tej zaobserwowano jednocześnie największą zmienność ze względu na tę cechę. Z kolei lochy o genotypie *BB* wykazały najkrótszy okres wynoszący około 236 dni. W odniesieniu do tej samej cechy u loch rasy wbp obserwowano najkrótszy okres (ponad 171 dni) u loch o genotypie *BB*. Lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *AB* wykazały bardzo zbliżony pod względem długości okres między drugim a trzecim oproszeniem przy prawie identycznej zmienności. Między grupami loch, reprezentującymi różne genotypy, w obrębie ras pbz i wbp różnice w długości okresu pomiędzy drugim a trzecim miotem były nieistotne.

Pomiędzy trzecim a czwartym miotem najkrótszy cykl rozplodowy miały lochy o genotypie *BB* w rasie pbz (ponad 186 dni) i wbp (ponad 161 dni) w porównaniu z lochami o pozostałych dwóch genotypach. Najdłuższy okres cyklu rozplodowego miały lochy rasy pbz o genotypie *AA* (ponad 217 dni). Lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *AB* wykazały zbliżoną wartość analizowanej cechy. Długość okresu między trzecim a czwartym oproszeniem, obserwowany u loch reprezentujących trzy różne genotypy w obrębie ras pbz i wbp, nie wykazywał istotnego zróżnicowania.

Lochy o genotypie *AA* reprezentujące rasę wbp charakteryzowały się najkrótszym okresem między czwartym a piątym miotem (ponad 164 dni), a reprezentujące rasę pbz najdłuższym (prawie 190 dni). Wśród loch rasy pbz o genotypach *AB* i *BB* obserwowano zbliżoną wartość cechy w odniesieniu do okresu między czwartym a piątym miotem. Wśród loch rasy wbp różnice pomiędzy osobnikami o genotypach *AB* i *BB* pod względem długości cyklu rozplodowego były znacznie większe.

Okres między piątym a szóstym miotem był najkrótszy u loch ras pbz oraz wbp o genotypie *BB* i wynosił odpowiednio ponad 157 i 150 dni, a najdłuższy był u loch o genotypie *AA* w obu rasach.

Analizując okresy międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia stwierdzono, że lochy rasy pbz miały znacznie dłuższe cykle rozplodowe w porównaniu z lochami rasy wbp. Różnice w czasie trwania okresów międzymiotów malały wraz z kolejnymi porodami. Spostrzeżenia te dotyczą wszystkich analizowanych grup genotypowych loch.

W grupie loch rasy pbz obserwowano najdłuższe okresy między drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem. Spostrzeżenie to dotyczy grup loch reprezentujących trzy badane genotypy. Należy zwrócić uwagę także na fakt, że lochy o genotypie *BB* wykazywały najkrótsze okresy międzymiotów w po-

równaniu z lochami o genotypach *AA* i *AB*, z wyjątkiem okresu między pierwszym a drugim oproszeniem.

Tak jednoznacznych tendencji nie obserwowano wśród badanej grupy loch rasy wbp, gdyż najdłuższe okresy cyklu rozplodowego występowały u loch o genotypach *AA* i *AB* pomiędzy drugim a trzecim oproszeniem oraz u loch o genotypie *BB* między pierwszym a drugim oproszeniem. Z kolei najkrótsze okresy międzymiotów obserwowano u loch o genotypie *AA* pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem, a u loch o genotypach *AB* i *BB* między piątym a szóstym oproszeniem.

Badając średni okres międzymiotu od pierwszego do czwartego oproszenia stwierdzono, że lochy o genotypie *AA* charakteryzowały się najdłuższym okresem, a lochy o genotypie *BB* najkrótszym zarówno wśród loch rasy pbz, jak i wbp.

Średni okres międzymiotu od pierwszego do piątego miotu był najdłuższy u loch o genotypie *AA* wśród loch ras pbz i wbp.

Z kolei średnia długość cyklu rozplodowego od pierwszego do szóstego oproszenia najdłuższa była również u loch ras pbz i wbp o genotypie *AA*, natomiast najkrótsza u loch rasy pbz o genotypie *AB* i rasy wbp o genotypie *BB*.

Lochy ras pbz i wbp o genotypie *AA* wykazywały średnio dłuższy okres międzymiotu niż lochy o genotypach *AB* i *BB*.

3.3.3. Polimorfizm *ESR/AvaI*

W badanej grupie loch obserwowano trzy genotypy *MM*, *MW* oraz *WW* – *ESR/AvaI* zarówno wśród loch rasy pbz, jak i wbp (tab. 19 i 20).

W pierwszym miocie liczba żywo urodzonych prosiąt była nieco wyższa u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. W obrębie rasy pbz stwierdzono zbliżoną liczbę prosiąt urodzonych przez lochy o różnych genotypach *ESR/AvaI*, a mianowicie od 11,12 prosiąt przez lochy o genotypie *MM* do 11,32 o genotypie *MW*. W grupie loch rasy wbp obserwowano bardzo podobną sytuację, gdyż liczba urodzonych prosiąt przez lochy o różnych genotypach *ESR/AvaI* była zbliżona i wynosiła od 10,61 prosięcia dla loch o genotypie *MW* do 10,81 prosięcia dla loch o genotypie *MM*. W odniesieniu do liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia stwierdzono, że lochy o różnych genotypach *ESR/AvaI* niezależnie od rasy odchowywały bardzo podobną liczbę prosiąt – od 10,55 (lochy rasy wbp o genotypie *WW*) do 10,73 (lochy rasy pbz o genotypie *MM*). Ponadto obserwowano bardzo zbliżoną zmienność we wszystkich analizowanych grupach genetycznych loch zarówno pod względem liczby żywo urodzonych, jak i odchowanych do 21. dnia prosiąt.

W drugim miocie lochy rasy pbz o genotypie *MW* rodziły średnio tyle samo prosiąt, co lochy rasy wbp o genotypie *WW*, a mianowicie 11,70 prosiąt. Najwięcej prosiąt rodziły lochy rasy wbp o genotypie *MM* (12,17 prosiąt), a najmniej lochy rasy pbz również o genotypie *MM* (11,16 prosiąt) przy identycznej zmienności. Liczba prosiąt odchowanych w grupie loch rasy wbp o genotypie *MM* okazała się największa (11,83 prosiąt), a najmniejsza u loch rasy pbz o genotypie *WW* (10,73 prosiąt).

W trzecim miocie wśród loch rasy pbz najmniej liczne mioty uzyskano od loch o genotypie *WW* (11,90 prosiąt), a wśród loch rasy wbp o genotypie *MM* (11,69 prosiąt). Spośród analizowanych grup genetycznych loch najwięcej prosiąt urodziły i odchowały lochy rasy pbz o genotypie *MW* – odpowiednio 12,37 i 11,68 prosiąt. Stwierdzono większą zmienność w odniesieniu do liczby urodzonych prosiąt w stosunku do liczby prosiąt odchowanych we wszystkich badanych grupach genetycznych loch.

Tabela 19. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwistouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *ESR/Aval*
 Table 19. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *ESR/Aval* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed							
			pbz – PL				wbp – PLW			
			Genotypy – Genotypes		<i>ESR/Aval</i>		Genotypy – Genotypes		<i>ESR/Aval</i>	
		MM	MW	MM	MW	MM	MW	MM	MW	
	I	2	3	4	5	6	7	8		
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	353,62 36,62	343,50 33,47	336,81 29,26	331,81 26,89	360,07 47,30	354,14 48,96		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,12 0,51	11,32 0,38	11,24 0,41	10,81 0,35	10,61 0,32	10,67 0,35		
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,73 0,48	10,60 0,35	10,65 0,39	10,68 0,32	10,68 0,29	10,55 0,32		
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	199,43 12,08	195,52 8,97	191,99 10,03	172,51 13,62	169,34 12,55	167,15 13,40		
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,16 0,56	11,70 0,41	11,64 0,46	12,17 0,56	11,57 0,51	11,70 0,55		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,79 0,42	11,00 0,31	10,73 0,35	11,83 0,48	11,43 0,45	11,45 0,48		
III miot 3 rd litter	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	270,03 14,73	234,95 11,09	242,59 13,36	182,87 10,52	181,77 9,30	174,23 11,06		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,35 0,57	12,37 0,43	11,90 0,52	11,69 0,70	12,31 0,62	11,98 0,74		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,69 0,56	11,68 0,42	11,09 0,51	10,98 0,55	11,46 0,48	10,91 0,57		

Tabela 20. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *ESR/Aval*Table 20. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *ESR/Aval* genotype

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
		pbz – PL			wbp – PLW		
		<i>MM</i>	<i>MM</i>	<i>MM</i>	<i>MM</i>	<i>MM</i>	<i>MM</i>
I-IV miot Litters 1-4	Sredni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	228,32	209,41	217,43	177,26	171,68	168,17
	SE	11,01	8,23	10,45	9,63	8,74	9,78
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	11,60	11,86	11,86	12,00	12,13	11,90
	SE	0,37	0,28	0,35	0,30	0,27	0,31
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	10,99	11,08	10,86	11,13	11,32	11,02
	SE	0,28	0,21	0,26	0,25	0,23	0,26
I-VI miot Litters 1-6	Sredni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	213,07	200,80	205,51	171,21	171,49	163,38
	SE	8,88	6,37	8,31	8,56	8,02	9,00
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	11,86	11,94	11,87	12,67	12,75	12,47
	SE	0,39	0,28	0,36	0,31	0,29	0,32
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	11,23	11,23	10,95	11,00	11,27	10,74
	SE	0,26	0,19	0,25	0,24	0,22	0,25
I-VI miot Litters 1-6	Sredni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	188,16	184,69	186,00	175,14	173,44	168,82
	SE	9,99	6,55	9,10	6,02	5,68	6,23
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	11,47	12,05	11,90	12,48	12,60	12,52
	SE	0,50	0,33	0,45	0,35	0,33	0,36
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	11,04	11,33	11,14	11,09	11,38	10,97
	SE	0,29	0,19	0,26	0,26	0,25	0,27
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	68,79	72,27	71,36	74,89	75,62	75,11
	SE	2,99	1,96	2,72	2,07	1,95	2,15
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	66,22	68,00	66,84	66,55	68,30	65,81
	SE	1,75	1,15	1,59	1,58	1,49	1,64

W czwartym miocie liczba prosiąt żywo urodzonych była zbliżona we wszystkich badanych grupach genotypowych loch i wahała się od 12,15 (rasa pbz, lochy o genotypie *MM*) do 12,90 (rasa wbp, lochy o genotypie *MW*). W poszczególnych grupach genotypowych loch rasy pbz obserwowano identyczną zmienność w odniesieniu do liczby żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia prosiąt.

Najliczniejsze piąte mioty uzyskano od loch o genotypie *MM* zarówno należących do rasy pbz (12,37 prosiąt), jak i wbp (13,76 prosiąt). Lochy te również odchowały najwięcej prosiąt. Należy zauważyć, że wśród loch o genotypie *MM* obserwowano największą zmienność w odniesieniu do obu badanych cech w porównaniu ze zmiennością obserwowaną w pozostałych grupach genotypowych.

W szóstym miocie lochy rasy pbz o genotypach *MM* i *MW* urodziły tyle samo prosiąt. Jednakże obserwowana zmienność pod względem tej cechy była znacznie większa wśród loch o genotypie *MM*. Lochy rasy wbp o genotypie *MW* urodziły i odchowały do wieku 21 dni identyczną liczbę prosiąt – 11,22.

Badając sześć kolejnych miotów stwierdzono u loch rasy wbp najmniej liczne mioty w pierwszym oproszeniu, natomiast najliczniejsze w piątym oproszeniu w każdej grupie genotypowej. Jednocześnie lochy o genotypach *WW* i *MW* odchowały do wieku 21 dni w piątym miocie najmniej prosiąt – odpowiednio 9,63 i 10,62.

Z kolei wśród loch rasy pbz najmniej liczne mioty obserwowano podczas szóstego oproszenia niezależnie od genotypu. Lochy rasy pbz o genotypie *MM* urodziły tyle samo prosiąt podczas pierwszego i szóstego porodu. Najliczniejsze mioty od loch rasy pbz uzyskano w piątym (genotyp loch *MM*), trzecim (genotyp loch *MW*) i czwartym (genotyp loch *WW*) miocie.

W kolejnych sześciu miotach nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic pomiędzy grupami genotypowymi loch w obrębie ras pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia.

Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie od pierwszego do czwartego miotu w grupie loch rasy pbz była identyczna u loch o genotypach *MW* i *WW* (11,86). Były to liczniejsze mioty niż u loch o genotypie *MM* (11,60). Jednocześnie lochy o genotypie *MW* odchowywały średnio w czterech kolejnych miotach najwięcej potomstwa do 21 dni życia, a o genotypie *WW* najmniej. W grupie loch rasy wbp lochy o genotypie *WW* rodziły i odchowywały do wieku 21 dni średnio w czterech miotach najmniej prosiąt w porównaniu z pozostałymi dwiema grupami genotypowymi.

Analizując średnią liczbę prosiąt w miocie urodzonych oraz odchowanych do 21. dnia życia od pierwszego do piątego miotu stwierdzono, że najliczniejsze mioty otrzymano od loch ras pbz i wbp o genotypie *MW*. Analogiczną sytuację obserwowano analizując średnią liczbę prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia w miotach od pierwszego do szóstego, jak w średnich uzyskanych od pierwszego do piątego miotu, w odniesieniu do badanych grup genotypowych loch.

Liczba prosiąt żywo urodzonych w sześciu miotach była najwyższa w grupie loch ras pbz oraz wbp o genotypie *MW* i wynosiła odpowiednio 72,27 oraz 75,62 prosiąt. Lochy te również odchowały największą liczbę prosiąt w swoich grupach rasowych, jednakże różnice pomiędzy lochami rasy pbz a wbp były znacznie mniejsze (68,00 i 68,30 prosiąt) niż w przypadku liczby prosiąt urodzonych. Z kolei najmniej urodziły i odchowały łącznie w sześciu miotach lochy ras pbz i wbp o genotypie *MM*.

Cechami charakteryzującymi rozród swn jest także wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych (tab. 19, 20).

Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *WW* (około 336 dni), a rasy wbp – o genotypie *MM* (około 332 dni). W grupach tych obserwowano jednocześnie najmniejszą zmienność pod względem tej cechy.

Badając cykle rozplodowe od pierwszego do szóstego oproszenia stwierdzono, że lochy rasy pbz wykazywały się znacznie dłuższymi okresami międzymiotów w porównaniu z lochami rasy wbp. Różnice w długości trwania tych okresów malały wraz z kolejnymi porodami. Spostrzeżenia te dotyczą wszystkich analizowanych grup genotypowych loch.

W grupie loch rasy pbz obserwowano najdłuższe okresy między drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem. Spostrzeżenie to dotyczy trzech badanych genotypów loch. Należy zwrócić uwagę także na to, że lochy o genotypie *MM* wykazywały najdłuższe okresy międzymiotów w porównaniu z lochami o genotypach *MW* i *WW*.

Również w grupie loch rasy wbp obserwowano najdłuższe okresy między drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem, z wyjątkiem loch o genotypie *MM*, u których najkrótszy cykl rozplodowy wystąpił pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem.

Analizując średni okres międzymiotu od pierwszego do czwartego oproszenia stwierdzono, że lochy o genotypie *MM* rasy pbz (ponad 228 dni) i wbp (ponad 177 dni) charakteryzowały się najdłuższym tym okresem. Najkrótszym średnim okresem międzymiotu od pierwszego do czwartego oproszenia charakteryzowały się lochy rasy wbp o genotypie *WW* (ponad 168 dni).

Średni okres międzymiotu od pierwszego do piątego miotu był najdłuższy u loch rasy pbz o genotypie *MM* (około 213 dni), a najkrótszy u loch o genotypie *MW* (około 201 dni). Wśród loch rasy wbp o genotypie *WW* obserwowano najkrótszy średni okres międzymiotu od pierwszego do piątego miotu (ponad 163 dni). Lochy o pozostałych dwóch genotypach wykazywały identyczną wartość tej cechy.

Z kolei średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia najdłuższy był u loch ras pbz i wbp o genotypie *MM*, natomiast najkrótszy u loch rasy pbz o genotypie *MW* i rasy wbp o genotypie *WW*.

Obserwowane różnice w długości trwania cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach w obrębie ras pbz i wbp okazały się nieistotne.

3.3.4. Polimorfizm *ESR/MspA11*

W badanej grupie loch obserwowano trzy genotypy: *AA*, *AB* i *BB* analizowanego polimorfizmu *ESR/MspA11* wśród loch rasy pbz i wbp, jednakże należy podkreślić bardzo małą liczebność loch o genotypie *BB* w rasie pbz (2 osobniki) i wbp (5 osobników). W związku z tak niewielką liczebnością genotypu *BB* podane w tabelach 21 i 22 wyniki dotyczące cech rozrodczych w odniesieniu do tej grupy genotypowej loch mogą służyć tylko jako orientacyjne źródło informacji o poziomie tych cech.

W pierwszym miocie lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *AB* urodziły tyle samo prosiąt (10,86), ale nieco więcej prosiąt odchowały lochy o genotypie *AB*. Wśród loch rasy pbz nieznacznie więcej urodziły i odchowały prosiąt do 21. dnia życia lochy o genotypie *AA*. Podobne spostrzeżenia dotyczą drugiego miotu zarówno w odniesieniu do loch rasy pbz, jak i wbp. Z kolei w trzecim miocie lochy o genotypie *AA* urodziły i odchowały do 21. dnia życia nieco więcej prosiąt w porównaniu z lochami ras pbz i wbp o genotypie *AB*. Analogiczne przypadki pod względem urodzonych i odchowanych prosiąt przez lochy o genotypach *AA* i *AB* w obrębie ras pbz i wbp miały miejsce w czwartym, piątym i szóstym miocie.

Tabela 21. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwistouchiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *ESR/Msp411*
 Table 21. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *ESR/Msp411* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed							
			pbz – PL				wbp – PLW			
			AA	AB	BB	BB	AA	AB	BB	BB
	I	2	3	4	5	6	7	8		
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	341,07 32,02	345,29 34,80	361,00 9,90	347,83 39,66	358,46 50,49	340,60 57,05		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,24 0,30	11,17 0,35	11,27 0,90	10,86 0,28	10,86 0,31	10,36 0,53		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,90 0,28	10,82 0,32	10,26 0,83	10,66 0,26	10,77 0,28	10,48 0,49		
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	197,30 7,50	187,80 8,39	201,83 20,85	176,87 11,28	173,20 12,01	158,93 19,62		
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,48 0,35	11,23 0,39	11,79 0,96	11,99 0,46	11,98 0,49	11,48 0,80		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,93 0,26	10,82 0,29	10,76 0,73	11,52 0,40	11,52 0,43	11,67 0,70		
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	209,30 9,83	200,15 10,72	238,11 25,93	181,64 8,66	183,04 9,69	174,23 14,95		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,93 0,38	11,77 0,41	12,92 1,01	11,81 0,58	11,74 0,65	12,43 1,00		
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,17 0,37	11,08 0,41	12,21 0,99	11,13 0,45	10,87 0,50	11,35 0,78		

cd. tabeli 21 – Table 21 continued

	1	2	3	4	5	6	7	8
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	197,53 13,64	193,33 15,41	210,63 31,39	165,97 13,66	172,21 15,50	176,35 23,66
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,66 0,48	12,42 0,54	11,86 1,11	13,36 0,55	13,16 0,62	11,20 0,95
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,45 0,48	11,54 0,54	10,63 1,11	11,41 0,41	11,47 0,47	10,25 0,71
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	191,14 13,91	191,98 14,39	171,99 24,01	166,21 7,76	166,07 8,81	169,49 11,41
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,98 0,57	11,95 0,59	11,47 0,99	13,51 0,60	13,61 0,68	13,11 0,89
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,40 0,46	11,50 0,48	11,30 0,79	10,68 0,46	10,83 0,52	9,52 0,67
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	LSM SE	164,80 12,26	157,94 12,97	–	152,54 14,25	164,01 16,54	165,34 20,44
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,11 0,61	11,05 0,65	–	11,49 0,74	11,92 0,85	12,36 0,91
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,64 0,41	10,57 0,44	–	10,60 0,63	10,82 0,73	11,13 1,06

Analizując sześć kolejnych miotów otrzymanych od loch rasy pbz stwierdzono niewielkie różnice w liczbie urodzonych prosiąt przez lochy o genotypach *AA* i *AB*. Najliczniejsze okazały się czwarte mioty, a najmniej liczne szóste w obu grupach genotypowych. Takie same zależności obserwowano w odniesieniu do liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia przez lochy rasy pbz o genotypach *AA* i *AB*.

Z kolei wśród loch rasy wbp lochy o genotypach *AA* i *AB* rodziły w dwóch pierwszych miotach tyle samo prosiąt. W trzecim i czwartym miocie nieco więcej prosiąt otrzymano od loch o genotypie *AA*, a w piątym i szóstym od loch o genotypie *AB*. Niezależnie od genotypu, najmniej liczne mioty w dniu urodzenia występowały w pierwszym oproszeniu, a najliczniejsze w piątym. Należy podkreślić, że w obu grupach genotypowych loch obserwowano najwięcej prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w czwartym miocie.

Średnia liczba prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia od pierwszego do czwartego miotu okazała się zbliżona u loch ras pbz i wbp o genotypach *AA* i *AB*. Takie same zależności obserwowano w odniesieniu do średnich otrzymanych od pierwszego do piątego miotu oraz od pierwszego do szóstego miotu pod względem liczby prosiąt urodzonych i odchowanych przez lochy ras pbz i wbp o różnych genotypach. Obserwowane różnice między genotypami loch w obrębie ras pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia okazały się nieistotne statystycznie.

Kolejnymi cechami charakteryzującymi rozród świń jest także wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych (tab. 20, 21).

W czasie pierwszego oproszenia młodsze były lochy rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* w porównaniu z lochami rasy wbp o tych samych genotypach. Lochy o genotypie *BB* w grupie loch rasy pbz były najstarsze (361 dni), a w grupie loch rasy wbp najmłodsze (prawie 341 dni) w czasie pierwszego oproszenia. Ze względu na bardzo małą liczbę loch o genotypie *BB* w obu grupach rasowych uzyskane wyniki dotyczące długości cykli rozplodowych mogą stanowić tylko orientacyjną informację o wartościach tej cechy.

Lochy rasy pbz o genotypie *AB* charakteryzowały się krótszymi okresami międzymiotów w porównaniu z lochami o genotypie *AA*. Najdłuższe cykle rozplodowe stwierdzono pomiędzy drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem zarówno u loch o genotypie *AA*, jak i *AB*. Z kolei pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem odnotowano identyczną długość trwania tego okresu u loch o genotypach *AA* i *AB*, mianowicie około 191 dni.

W grupie loch rasy wbp obserwowano najdłuższy okres międzymiotu pomiędzy drugim a trzecim miotem u loch o genotypach *AA* (ponad 181 dni) i *AB* (183 dni). Pomiedzy piątym a szóstym oproszeniem odnotowano najkrótsze cykle rozplodowe wynoszące około 152 dni u loch o genotypie *AA*, a 164 dni – o genotypie *AB*. Z kolei pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem odnotowano identyczny czas trwania tego okresu u loch o genotypach *AA* i *AB* – nieco ponad 166 dni.

Średni okres międzymiotu od pierwszego do czwartego miotu był znacznie krótszy u loch o genotypie *AB* (ponad 196 dni) w porównaniu z lochami o genotypie *AA* (206 dni) należącymi do rasy pbz. Z kolei różnice pomiędzy średnią długością trwania okresów międzymiotów od pierwszego do piątego miotu były znacznie mniejsze pomiędzy grupami loch o genotypach *AB* (189,03 dni) i *AA* (192,73 dni). Średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego miotu u loch rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* był identyczny i wynosił ponad 186 dni.

Tabela 22. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślowczej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *ESR/Msp411*Table 22. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *ESR/Msp411* genotype

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
		pbz – PL			wbp – PLW		
		AA	AB	BB	AA	AB	BB
Średni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	LSM	206,07	196,26	252,84	172,59	174,89	169,63
	SE	7,60	8,59	17,49	7,73	8,78	13,39
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,82	11,61	11,89	12,31	12,12	11,59
	SE	0,26	0,29	0,59	0,24	0,27	0,42
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	10,99	11,03	10,90	11,31	11,18	10,98
	SE	0,19	0,22	0,44	0,20	0,23	0,35
Średni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	LSM	192,73	189,03	237,62	167,16	169,52	169,40
	SE	7,13	7,37	12,30	7,66	8,70	11,27
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,96	11,75	11,96	12,93	12,80	12,16
	SE	0,31	0,32	0,54	0,28	0,31	0,41
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,07	11,15	11,19	11,23	11,09	10,70
	SE	0,21	0,22	0,36	0,21	0,24	0,31
Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	LSM	186,45	186,12	–	170,93	172,14	174,34
	SE	7,44	7,87	–	5,30	6,15	7,60
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,79	11,82	–	12,69	12,81	12,11
	SE	0,37	0,39	–	0,30	0,35	0,44
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,11	11,23	–	11,18	11,21	11,06
	SE	0,22	0,23	–	0,23	0,27	0,33
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	70,70	70,91	–	76,15	76,84	72,63
	SE	2,22	2,35	–	1,82	2,12	2,61
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	66,67	67,37	–	67,07	67,25	66,34
	SE	1,30	1,37	–	1,39	1,61	1,99

Lochy rasy wbp o genotypie *AB* charakteryzowały się dłuższym średnim okresem międzymiotu od pierwszego do czwartego miotu w porównaniu z lochami o genotypie *AA*. Taka sama sytuacja występowała w odniesieniu do średniego okresu międzymiotu pomiędzy pierwszym a piątym oproszeniem oraz pomiędzy pierwszym a szóstym oproszeniem. Należy podkreślić, że najkrótsze średnie cykle rozplodowe stwierdzono pomiędzy pierwszym a piątym oproszeniem w grupach loch o obu genotypach (lochy o genotypie *AA* – 167 dni, a lochy o genotypie *AB* – ponad 169 dni).

Obserwowane różnice w długości trwania cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach w obrębie ras pbz i wbp okazały się nieistotne.

3.3.5. Polimorfizm *CYP21/HaeIII*

W badanej grupie loch obserwowano trzy genotypy: *AA*, *AB* i *BB* – *CYP21/HaeIII* wśród loch ras pbz i wbp (tab. 23 i 24).

Lochy rasy pbz o genotypie *AA* rodziły więcej prosiąt w kolejnych sześciu miotach w porównaniu z lochami o genotypach *AB* i *BB* z wyjątkiem trzeciego miotu, w którym to urodziły najmniej potomstwa. Identyczne zależności pomiędzy grupami loch o różnych genotypach stwierdzono w odniesieniu do liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia. W trzecim miocie najliczniejsze potomstwo uzyskano od loch o genotypie *BB* (12,34 prosiąt), natomiast najwięcej w tym miocie odchowały do 21. dnia życia lochy o genotypie *AB* (11,70 prosiąt). Z kolei w pierwszym i czwartym miocie najmniej liczne potomstwo uzyskano od loch należących do rasy pbz o genotypie *BB*, a w drugim, piątym i szóstym – o genotypie *AB*. Lochy rasy pbz o genotypie *AA* najliczniejsze mioty urodziły podczas czwartego oproszenia (12,86 prosiąt), o genotypach *AB* i *BB* w trzecim miocie – odpowiednio 12,16 i 12,44 prosiąt. W badanej grupie loch rasy pbz stwierdzono, że do 21. dnia życia prosiąt lochy o genotypie *AA* odchowały najwięcej potomstwa w czwartym miocie (12,42 prosiąt), a lochy o genotypach *AB* i *BB* w trzecim miocie (odpowiednio 11,70 i 11,59 prosiąt). Spośród analizowanych grup genotypowych loch w obrębie rasy pbz najmniej liczne potomstwo do 21. dnia życia odchowały lochy o genotypie *BB* w szóstym miocie (9,66 prosiąt).

Wśród badanej grupy loch rasy wbp lochy o genotypie *AA* rodziły od pierwszego do trzeciego miotu więcej prosiąt w porównaniu z lochami o genotypach *AB* i *BB*. Z kolei w czwartym, piątym i szóstym miocie liczniejsze mioty zaobserwowano u loch o genotypie *BB*. Z trzech analizowanych grup genotypowych loch rasy wbp najmniej liczne potomstwo otrzymano od loch o genotypie *AA* w czwartym i piątym miocie, o genotypie *AB* w pierwszym, drugim i szóstym miocie, a od loch o genotypie *BB* w trzecim miocie w porównaniu z pozostałymi grupami genotypowymi. Obserwowano wzrost liczby żywo urodzonych prosiąt od pierwszego do piątego miotu, który okazał się najliczniejszy w trzech analizowanych grupach genotypowych loch rasy wbp. Z kolei najwięcej prosiąt odchowały lochy – niezależnie od genotypu – w drugim miocie. Należy podkreślić, że lochy o genotypie *AA* odchowały identyczną liczbę prosiąt w drugim, trzecim i szóstym miocie. Jednocześnie w piątym miocie lochy o genotypie *AA* odchowały najmniej prosiąt (9,93) spośród wszystkich analizowanych grup genotypowych loch rasy wbp.

Tabela 23. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwistouchkiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *CYP21/HaeIII*

Table 23. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *CYP21/HaeIII* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed								
			pbz – PL				wbp – PLW				
			Genotyp – Genotype		<i>CYP21/HaeIII</i>		Genotyp – Genotype		<i>CYP21/HaeIII</i>		
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	AA	AB	BB	
	I	2	3	4	5	6	7	8			
	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	330,05 17,29	348,40 37,07	352,01 33,47	350,23 42,00	345,15 30,21	337,75 35,87			
I miot 1 st litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,57 0,55	11,10 0,38	11,02 0,41	10,81 0,36	10,62 0,31	10,66 0,36			
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,05 0,51	10,44 0,36	10,49 0,38	10,67 0,33	10,53 0,28	10,72 0,33			
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	210,09 13,15	189,78 9,09	187,07 9,73	167,16 13,97	168,14 12,17	173,70 13,65			
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,70 0,60	11,31 0,42	11,48 0,45	12,08 0,57	11,49 0,50	11,88 0,56			
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,04 0,46	10,74 0,32	10,74 0,34	11,55 0,50	11,38 0,43	11,78 0,49			
	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	248,34 17,37	244,21 11,26	255,02 11,59	173,55 10,88	185,46 9,63	179,90 10,49			
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,01 0,67	12,16 0,44	12,44 0,45	12,25 0,73	12,10 0,64	11,64 0,70			
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,17 0,66	11,70 0,43	11,59 0,44	11,55 0,44	11,13 0,50	10,68 0,54			

cd. tabeli 23 – Table 23 continued

	1	2	3	4	5	6	7	8
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	184,84 24,75	208,48 14,60	208,17 15,28	166,19 16,81	179,85 14,71	168,50 18,35
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,86 0,87	12,08 0,51	11,98 0,54	12,06 0,67	12,63 0,59	13,02 0,73
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	12,42 0,88	10,71 0,52	10,49 0,54	10,93 0,51	11,05 0,44	11,15 0,55
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	187,20 21,62	180,89 13,00	187,03 13,37	164,32 9,11	163,57 7,70	173,88 9,25
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,10 0,89	11,46 0,54	11,84 0,55	12,99 0,71	13,24 0,60	14,02 0,72
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	12,21 0,71	10,88 0,43	11,11 0,44	9,93 0,54	10,36 0,45	10,74 0,55
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	LSM SE	159,05 19,02	154,65 12,66	170,40 11,93	151,55 16,67	173,85 14,55	156,49 17,35
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,58 0,95	10,67 0,63	10,99 0,60	11,81 0,86	10,88 0,75	11,85 0,90
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	12,13 0,64	10,04 0,43	9,66 0,40	11,52 0,74	11,08 0,64	11,17 0,77

Tabela 24. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *CYP21/HaeIII*

Table 24. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *CYP21/HaeIII* genotype

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed						
		pbz – PL			wbp – PLW			
		Genotyp – Genotype <i>CYP21/HaeIII</i>						
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	
I-IV miot Litters 1-4	Sredni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	LSM	220,88	216,43	217,86	164,71	177,11	175,29
	SE		13,79	8,13	8,51	9,51	8,32	10,38
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,89	11,66	11,76	12,09	11,88	12,05
	SE		0,47	0,28	0,29	0,30	0,26	0,33
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,26	10,87	10,80	11,27	11,04	11,16
	SE		0,35	0,21	0,22	0,25	0,22	0,27
I-V miot Litters 1-5	Sredni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	LSM	205,65	203,57	210,16	162,45	171,48	172,16
	SE		11,08	6,66	6,85	9,00	7,60	9,13
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	12,27	11,56	11,84	12,68	12,50	12,71
	SE		0,49	0,29	0,30	0,32	0,27	0,33
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,76	10,77	10,87	11,03	10,95	11,03
	SE		0,33	0,20	0,20	0,25	0,21	0,25
I-V miot Litters 1-5	Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	LSM	190,55	179,54	188,77	168,81	174,23	174,36
	SE		11,54	7,68	7,24	6,20	5,41	6,45
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	12,55	11,29	11,56	12,49	12,40	12,72
	SE		0,57	0,38	0,36	0,36	0,31	0,37
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	12,21	10,62	10,68	11,08	11,14	11,23
	SE		0,33	0,22	0,21	0,27	0,24	0,28
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	75,31	67,73	69,38	74,92	74,37	76,33
	SE		3,45	2,29	2,16	2,13	1,86	2,22
I-VI miot Litters 1-6	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dni Number of piglets reared until day 21	LSM	73,27	63,73	64,07	66,49	67,99	67,38
	SE		2,02	1,34	1,27	1,63	1,42	1,69

Analizując średnie liczby prosiąt żywo urodzonych od pierwszego do czwartego miotu, od pierwszego do piątego oraz od pierwszego do szóstego miotu stwierdzono, że lochy o genotypie *AA* wykazywały wyższe wartości tych cech w odniesieniu do loch o pozostałych dwóch genotypach *CYP21/HaeIII* w obrębie rasy pbz. Z kolei niższe wartości wymienionych wyżej cech wykazywały lochy o genotypie *AB* w stosunku do pozostałych dwóch genotypów w obrębie rasy pbz. Analogiczne spostrzeżenie dotyczy także zależności między grupami genotypowymi loch rasy pbz, w odniesieniu do średniej liczby odchowanych przez nie prosiąt do 21. dnia życia.

W badanej grupie loch rasy wbp stwierdzono, że średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miotach od pierwszego do czwartego była nieco większa u loch o genotypie *AA*, natomiast w miotach od pierwszego do piątego i od pierwszego do szóstego u loch o genotypie *BB* w stosunku do pozostałych genotypów w obrębie rasy. Niższe wartości wymienionej wyżej cechy wykazywały lochy o genotypie *AB* w stosunku do pozostałych dwóch genotypów w obrębie rasy wbp. Należy podkreślić, że lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *BB* odchowały tyle samo prosiąt do 21. dnia życia od pierwszego do piątego miotu. Łączna liczba prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do wieku 21 dni w sześciu miotach była wyższa u loch o genotypie *AA* rasy pbz oraz *BB* rasy wbp.

Obserwowane różnice między genotypami loch w obrębie ras pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia okazały się nieistotne statystycznie.

W tabelach 22 i 23 podano wartości kolejnych cech charakteryzujących rozród sów – wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych.

Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA* (330 dni), a najstarsze (352 dni) o genotypie *BB*. Odwrotną sytuację obserwowano w grupie loch rasy wbp, gdzie najmłodsze w czasie pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *BB* (około 338 dni), a najstarsze (ponad 350 dni) o genotypie *AA*.

Najdłuższe okresy międzymiotu odnotowano pomiędzy drugim a trzecim miotem we wszystkich analizowanych grupach genotypowych loch obu ras. Następnie obserwowano skracanie się tego okresu między kolejnymi porodami. Najkrótsze okresy obserwowano pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem u loch rasy pbz w trzech grupach genotypowych, natomiast u loch rasy wbp o genotypach *AA* i *BB*. Lochy rasy wbp o genotypie *AB* miały najkrótszy okres międzymiotu pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem.

Średnia długość cyklu rozrodczego od pierwszego do czwartego miotu była zdecydowanie dłuższa u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp niezależnie od genotypu. Pozostałe średnie okresy międzymiotów były również dłuższe u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp niezależnie od genotypu.

W grupie loch rasy pbz najdłuższym średnim okresem międzymiotów charakteryzowały się lochy o genotypie *AA* (średni okres między pierwszym a czwartym oproszeniem – prawie 221 dni), najkrótszym lochy o genotypie *AB* (średni okres między pierwszym a szóstym oproszeniem – ponad 179 dni).

Wśród loch rasy wbp najdłuższym średnim okresem międzymiotów charakteryzowały się lochy o genotypie *AB* (średni okres między pierwszym a czwartym oproszeniem – nieco ponad 177 dni), najkrótszym lochy o genotypie *AA* (średni okres między pierwszym a piątym oproszeniem – ponad 162 dni).

Obserwowane różnice w długości trwania cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach w obrębie obu ras okazały się nieistotne (tab. 23 i 24).

3.3.6. Polimorfizm *CYP21/NciI*

W badanej grupie loch rasy pbz i wbp zaobserwowano trzy genotypy: *AA*, *AB* i *BB* – *CYP21/NciI* (tab. 25 i 26).

W pierwszym miocie otrzymano zbliżone liczebności żywo urodzonych prosiąt przez lochy rasy pbz o różnych genotypach – od 11,18 prosiąt (lochy o genotypie *BB*) do 11,30 prosiąt (lochy o genotypie *AB*). U loch o genotypach *AA* i *BB* obserwowano wzrost liczby żywo urodzonych prosiąt do trzeciego miotu, które to były najliczniejsze (12,64 i 12,13 prosiąt). Następnie w kolejnych miotach odnotowano spadek liczby urodzonych prosiąt i w szóstym miocie lochy o genotypie *AA* rodziły średnio 11,03 prosiąt, a o genotypie *BB* – 11,09 prosiąt. Z kolei od loch o genotypie *AB* najliczniejsze mioty uzyskano w czwartym oproszeniu (12,57 prosiąt), a najmniej liczne w szóstym (11,12 prosiąt).

Lochy rasy pbz o genotypie *AA* odchowały do 21. dnia życia powyżej 11 prosiąt w miocie trzecim (11,77) i piątym (11,31), a najmniej w miocie szóstym (10,52). Z kolei lochy o genotypie *AB* od trzeciego do szóstego miotu odchowywały powyżej 11 prosiąt, przy czym najwięcej (11,56 prosiąt) w czwartym miocie. W grupie loch o genotypie *BB* obserwowano najliczniej odchowane potomstwo w piątym miocie (11,50 prosiąt), a najmniej w szóstym miocie (10,27 prosiąt).

Lochy rasy wbp, niezależnie od genotypu, rodziły w pierwszym miocie najmniej prosiąt (o genotypie *AA* – 10,63, *AB* – 10,55 i *BB* – 10,90 prosiąt). Następnie do piątego oproszenia obserwowano stopniowy wzrost liczebności miotów w każdej grupie genotypowej. Najliczniejsze mioty obserwowano u loch rasy wbp, niezależnie od genotypu podczas piątego oproszenia (lochy o genotypie *AA* – 13,81, *AB* – 13,32 i *BB* – 13,11 prosiąt). Jednocześnie należy podkreślić, że w piątym miocie lochy rasy wbp odchowały najmniej prosiąt spośród analizowanych kolejnych sześciu miotów (lochy o genotypie *AA* – 10,35, *AB* – 10,28 i *BB* – 10,39 prosiąt). W grupie loch o genotypie *AA* obserwowano liczbę prosiąt odchowanych do 21. dnia życia powyżej 11 tylko w drugim i szóstym miocie. Wśród loch o genotypach *AB* i *BB* stwierdzono, że w miotach pierwszym i piątym odchowały one poniżej 11 prosiąt, a w pozostałych miotach powyżej 11 prosiąt.

Średnia liczba prosiąt urodzonych w czterech, pięciu i sześciu miotach przez lochy rasy pbz o genotypach *AA*, *AB* i *BB* okazała się zbliżona i kształtowała się na poziomie od 11,70 (1-6 miot lochy o genotypie *AB*) do 11,99 (1-5 miot lochy o genotypie *AA*). Lochy o genotypie *AA* odchowały do 21. dnia życia identyczną średnią liczbę prosiąt w miocie (11,13) uwzględniając oproszenia od pierwszego do piątego oraz od pierwszego do szóstego. Z kolei lochy o genotypach *AB* i *BB* odchowały do 21. dnia życia identyczną średnią liczbę prosiąt w miocie od pierwszego do piątego miotu (11,14) oraz od pierwszego do szóstego miotu (11,19).

Średnia liczba prosiąt urodzonych od pierwszego do czwartego miotu przez lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *BB* okazała się identyczna (11,96 i 11,97 prosiąt), natomiast od loch o genotypie *AB* otrzymano nieco liczniejsze średnie mioty (12,09 prosiąt). Analizując średnią liczbę prosiąt urodzonych w pięciu i sześciu kolejnych miotach stwierdzono zbliżone wartości tej cechy w badanych trzech grupach genotypowych – od 12,49 (od 1 do 6 miotu, lochy o genotypie *BB*) do 12,66 (od 1 do 5 miotu, lochy o genotypie *BB*). Lochy o genotypach *AB* i *BB* odchowały do 21. dnia życia identyczną średnią liczbę prosiąt w miocie (11,20) uwzględniając oproszenia od pierwszego do czwartego, natomiast od pierwszego do szóstego oproszenia lochy o genotypie *AA* i *AB* (11,11 prosiąt).

Tabela 25. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwistouchiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *CYP21/Ncil*
 Table 25. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *CYP21/Ncil* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed							
			pbz – PL				wbp – PLW			
			AA	AB	BB	BB	AA	AB	BB	BB
	I	2	3	4	5	6	7	8		
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	340,35 33,98	346,37 29,49	360,22 38,15	331,31 29,59	352,28 34,63	347,85 29,05		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,20 0,41	11,30 0,38	11,18 0,43	10,63 0,35	10,55 0,32	10,90 0,35		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,69 0,38	10,66 0,36	10,63 0,40	10,56 0,32	10,60 0,30	10,75 0,32		
II miot 2 nd litter	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	205,27 9,82	191,65 9,16	190,01 10,58	168,13 13,37	170,33 12,61	170,54 13,51		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,59 0,45	11,42 0,42	11,49 0,49	11,81 0,55	11,85 0,51	11,78 0,55		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,91 0,34	10,89 0,32	10,70 0,37	11,65 0,48	11,51 0,45	11,56 0,48		
III miot 3 rd litter	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – 2-3 (in days)	LSM SE	256,07 11,99	247,52 11,53	243,97 13,52	176,95 10,18	180,31 9,89	181,66 10,83		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,64 0,47	11,85 0,45	12,13 0,52	12,01 0,68	12,07 0,66	11,91 0,72		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,77 0,46	11,31 0,44	11,38 0,51	10,95 0,53	11,15 0,51	11,26 0,56		

cd. tabeli 25 – Table 25 continued

	1	2	3	4	5	6	7	8
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	195,92 16,46	198,51 14,91	207,07 17,82	170,89 17,91	174,38 15,88	169,27 16,28
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,25 0,58	12,57 0,53	12,11 0,63	12,32 0,72	12,76 0,63	12,63 0,65
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,96 0,58	11,56 0,53	11,10 0,63	10,83 0,54	11,04 0,48	11,26 0,49
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	184,90 14,21	181,38 12,52	188,84 14,85	165,48 8,63	164,88 8,74	171,41 8,91
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,07 0,59	11,79 0,52	11,54 0,61	13,81 0,67	13,32 0,68	13,11 0,69
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,31 0,47	11,39 0,41	11,50 0,49	10,35 0,51	10,28 0,51	10,39 0,53
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	LSM SE	158,30 13,37	169,09 10,83	156,72 14,37	153,33 15,82	168,08 16,15	160,49 16,54
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,03 0,67	11,12 0,54	11,09 0,72	12,09 0,82	11,28 0,83	11,17 0,85
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,52 0,45	11,04 0,37	10,27 0,48	11,51 0,70	11,08 0,71	11,18 0,73

Tabela 26. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwiślowchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *CYP21/Nci1*

Table 26. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *CYP21/Nci1* genotype

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed					
		pbz – PL			wbp – PLW		
		AA	AB	BB	AA	AB	BB
Średni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	LSM	221,88	214,95	218,34	171,56	174,12	171,44
	SE	9,17	8,30	9,93	10,13	8,99	9,22
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,85	11,77	11,71	11,96	12,09	11,97
	SE	0,31	0,28	0,34	0,32	0,28	0,29
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	10,97	11,07	10,88	11,06	11,20	11,20
	SE	0,23	0,21	0,25	0,27	0,24	0,24
Średni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	LSM	207,84	202,34	209,19	168,74	169,07	168,28
	SE	7,28	6,41	7,61	8,52	8,62	8,81
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,99	11,82	11,86	12,59	12,64	12,66
	SE	0,32	0,28	0,33	0,31	0,31	0,32
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,13	11,14	11,14	10,91	10,98	11,12
	SE	0,22	0,19	0,22	0,24	0,24	0,24
Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	LSM	184,59	184,36	189,89	172,29	174,73	170,38
	SE	8,11	6,57	8,72	5,88	6,00	6,15
Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,87	11,70	11,84	12,57	12,55	12,49
	SE	0,40	0,33	0,43	0,34	0,34	0,35
Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,13	11,19	11,19	11,11	11,11	11,22
	SE	0,24	0,19	0,25	0,26	0,26	0,27
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	71,19	70,20	71,03	75,40	75,30	74,92
	SE	2,42	1,96	2,60	2,02	2,07	2,12
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	66,77	67,15	67,14	66,68	66,66	67,32
	SE	1,42	1,15	1,52	1,54	1,57	1,61

Obserwowane różnice między grupami loch o różnych genotypach w obrębie ras w odniesieniu do liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia okazały się nieistotne statystycznie (tab. 25, 26).

Także w tabelach 25 i 26 podano charakterystykę pozostałych analizowanych cech dotyczących rozrodu loch.

Lochy o genotypie *AA* były najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia wśród badanej grupy loch rasy pbz (ponad 340 dni) i wbp (ponad 331 dni). Z kolei najstarsze okazały się lochy o genotypie *BB* należące do rasy pbz (ponad 360 dni) oraz o genotypie *AB* rasy wbp (ponad 352 dni).

Najdłuższe okresy międzymiotu odnotowano pomiędzy drugim a trzecim miotem we wszystkich analizowanych grupach genotypowych loch obu ras. Następnie obserwowano skracanie się tego okresu między kolejnymi porodami. Najkrótsze okresy obserwowano pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem u loch rasy pbz niezależnie od genotypu, natomiast u loch rasy wbp o genotypach *AA* i *BB*. Lochy rasy wbp o genotypie *AB* miały najkrótszy okres międzymiotu pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem.

Średni okres międzymiotu od pierwszego do czwartego miotu był zdecydowanie dłuższy u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp niezależnie od genotypu. Pozostałe średnie okresy międzymiotów były również dłuższe u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp niezależnie od genotypu.

W grupie loch rasy pbz najdłuższym średnim okresem międzymiotów charakteryzowały się lochy o genotypie *AA* (średni okres między pierwszym a czwartym oproszeniem – prawie 222 dni), najkrótszym lochy o genotypach *AA* i *AB* (średni okres od pierwszego do szóstego oproszenia – ponad 184 dni).

Wśród loch rasy wbp najdłuższym średnim okresem międzymiotów charakteryzowały się lochy o genotypie *AB* (średni okres od pierwszego do czwartego oproszenia – nieco ponad 174 dni oraz od pierwszego do szóstego oproszenia – prawie 175 dni), najkrótszym lochy o genotypach *AA* i *BB*, u których średni okres od pierwszego do piątego oproszenia wynosił ponad 168 dni.

Obserwowane różnice w długości trwania cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach *CYP21/NciI* w obrębie obu ras okazały się nieistotne (tab. 25 i 26).

3.3.7. Polimorfizm *IGF1R/Cfr42I*

W badanej grupie loch rasy wbp i pbz obserwowano trzy genotypy: *AA*, *AB* i *BB* – *IGF1R* (tab. 27 i 28).

W pierwszym miocie u loch o genotypie *BB* obserwowano liczbę prosiąt żywo urodzonych większą w porównaniu z lochami o genotypach *AB* i *AA* zarówno rasy pbz, jak i wbp. Lochy te również odchowywały więcej prosiąt do 21. dnia. Jednakże należy podkreślić bardzo niewielką liczbę loch o genotypie *BB* wśród obu ras. Lochy rasy pbz o genotypie *AA* rodziły więcej prosiąt w pierwszym miocie (11,17) niż lochy rasy wbp o tym samym genotypie (10,24). Takie samo spostrzeżenie dotyczy loch o genotypie *AB* należących do ras pbz i wbp. Obserwowane różnice w liczbie prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia przez lochy o różnych genotypach w obrębie ras pbz i wbp okazały się nieistotne.

Tabela 27. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwistouchiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w kolejnych miotach w zależności od genotypu *IGF1R/Cf*421*
 Table 27. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows in subsequent litters depending on *IGF1R/Cf*421* genotype

	Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed							
			pbz – PL				wbp – PLW			
			Genotyp – Genotype		IGF1R/Cf*421		Genotyp – Genotype		IGF1R/Cf*421	
AA	AB	BB	AB	AA	AB	BB	AB	BB		
	I	2	3	4	5	6	7	8		
I miot 1 st litter	Wiek w dniu pierwszego oproszenia (dni) Age at the first littering (in days)	LSM SE	344,89 3,69	339,02 6,58	335,33 16,33	354,35 3,27	342,70 8,95	323,67 23,10		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,17 0,39	11,08 0,45	11,44 0,62	10,24 0,24	10,61 0,31	11,24 0,61		
II miot 2 nd litter	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,50 0,36	10,52 0,42	10,96 0,58	10,23 0,22	10,57 0,29	11,12 0,56		
	Okres międzymiotu – 1-2 miot (dni) Inter-litter period – litters 1-2 (in days)	LSM SE	187,30 9,20	198,82 10,83	200,81 14,67	170,35 9,81	156,45 12,54	182,20 22,07		
III miot 3 rd litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,85 0,42	11,97 0,50	10,67 0,68	11,75 0,40	10,79 0,51	12,91 0,90		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,05 0,32	11,00 0,38	10,46 0,51	11,24 0,35	10,86 0,45	12,61 0,78		
III miot 3 rd litter	Okres międzymiotu – 2-3 miot (dni) Inter-litter period – litters 2-3 (in days)	LSM SE	239,84 11,45	240,13 13,58	267,60 18,56	171,92 7,47	177,92 9,73	189,07 17,20		
	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,40 0,44	12,65 0,53	11,56 0,72	12,03 0,50	11,84 0,65	12,11 1,15		
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,63 0,44	11,97 0,52	10,86 0,71	11,02 0,39	11,57 0,50	10,76 0,89		

cd. tabeli 27 – Table 27 continued

	1	2	3	4	5	6	7	8
	Okres międzymiotu – 3-4 miot (dni) Inter-litter period – litters 3-4 (in days)	LSM SE	193,16 14,88	211,25 17,57	197,08 24,25	164,10 11,01	171,22 14,67	179,21 32,05
IV miot 4 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	12,34 0,52	12,60 0,62	11,98 0,85	11,52 0,44	11,51 0,59	14,68 1,28
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,51 0,53	11,27 0,62	10,84 0,86	10,85 0,33	11,04 0,44	11,25 0,97
	Okres międzymiotu – 4-5 miot (dni) Inter-litter period – litters 4-5 (in days)	LSM SE	185,59 13,29	175,56 14,55	193,97 25,55	168,28 4,93	172,97 6,80	160,51 18,89
V miot 5 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,51 0,55	12,41 0,60	11,48 1,05	11,95 0,38	12,12 0,53	16,17 1,47
	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	11,07 0,44	11,74 0,48	11,40 0,84	11,08 0,29	10,60 0,40	9,34 1,11
	Okres międzymiotu – 5-6 miot (dni) Inter-litter period – litters 5-6 (in days)	LSM SE	167,39 9,64	167,23 9,41	149,49 26,86	161,91 9,16	146,84 12,70	173,14 34,08
VI miot 6 th litter	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM SE	11,07 0,48	11,72 0,47	10,45 1,35	11,83 0,47	11,30 0,66	11,41 1,76
	Liczba prosiąt odchowanych do 21 dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM SE	10,57 0,33	11,05 0,32	10,21 0,91	11,39 0,41	10,75 0,56	11,64 1,51

Tabela 28. Charakterystyka cech reprodukcyjnych loch ras polskiej białej zwisłouchiej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp) w zależności od genotypu *IGF1R/Cf42I*
 Table 28. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows depending on *IGF1R/Cf42I* genotype

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed						
		pbz – PL			wbp – PLW			
		Genotyp – Genotype			<i>IGF1R/Cf42I</i>			
		AA	AB	BB	AA	AB	BB	
I-IV miot Litters 1-4	Średni okres międzymiotu od 1 do 4 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 4 (in days)	LSM	210,14	219,18	225,85	167,18	165,09	184,85
	SE		8,29	9,79	13,51	6,23	8,30	18,14
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,94	11,99	11,39	11,70	11,42	12,90
	SE		0,28	0,33	0,46	0,20	0,26	0,57
I-VI miot Litters 1-6	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,14	11,16	10,63	11,00	11,10	11,37
	SE		0,21	0,25	0,34	0,16	0,22	0,48
I-V miot Litters 1-5	Średni okres międzymiotu od 1 do 5 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 5 (in days)	LSM	207,10	208,41	203,86	171,12	166,81	168,15
	SE		6,81	7,46	13,09	4,86	6,71	18,66
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	12,09	12,10	11,49	11,76	11,70	14,43
	SE		0,30	0,33	0,57	0,17	0,27	0,67
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,37	11,32	10,72	11,01	11,22	10,78
	SE		0,20	0,22	0,39	0,13	0,19	0,52
I-V miot Litters 1-5	Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu (dni) Mean inter-litter period from litter 1 to 6 (in days)	LSM	185,93	189,81	183,11	171,79	170,76	174,85
	SE		5,85	5,71	16,30	3,40	4,72	12,67
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt żywo urodzonych w miocie Mean number of piglets born alive in the litter	LSM	11,94	12,11	11,36	11,75	11,66	14,20
	SE		0,29	0,28	0,81	0,20	0,27	0,73
I-V miot Litters 1-5	Średnia liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w miocie Mean number of piglets reared until day 21 in the litter	LSM	11,27	11,33	10,91	11,10	11,17	11,17
	SE		0,17	0,17	0,47	0,15	0,21	0,55
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive	LSM	71,64	72,63	68,15	70,49	69,98	85,16
	SE		1,75	1,71	4,87	1,17	1,63	4,36
I-V miot Litters 1-5	Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21	LSM	67,60	67,98	65,48	66,62	66,99	67,05
	SE		1,02	1,00	2,85	0,89	1,24	3,32

Wśród loch rasy pbz najliczniejsze potomstwo uzyskano w drugim miocie od loch o genotypie *AB* (11,97). Lochy o genotypie *AA* rodziły średnio 11,85 prosięcia, a o genotypie *BB* 10,67. Z kolei lochy rasy wbp wykazały stosunkowo duże zróżnicowanie pod względem liczby żywo urodzonych prosiąt w drugim miocie. Osobniki o genotypie *BB* rodziły średnio 12,91 prosiąt w miocie, o genotypie *AB* – 10,79, a o genotypie *AA* 11,75. Obserwowane różnice pod względem ilości żywo urodzonych prosiąt w drugim miocie i odchowanych do 21. dnia pomiędzy grupami loch o różnych genotypach *IGF1R/Cfr42I* w obrębie ras nie były istotne statystycznie.

Liczba prosiąt żywo urodzonych w trzecim miocie przez lochy rasy pbz o genotypie *AB* wynosiła 12,65 i była wyższa w porównaniu z dwiema pozostałymi grupami genotypowymi (*AA* i *BB*). Z kolei liczba odchowanych prosiąt kształtowała się w granicach 10,86 (matki o genotypie *BB*) do 11,97 (matki o genotypie *AB*). Wśród loch rasy wbp w trzecim miocie uzyskano najwięcej prosiąt od loch o genotypie *BB* (12,11), a najmniej od loch o genotypie *AB* (11,84), lecz to one odchowały najwięcej potomstwa (11,57) w stosunku do pozostałych dwóch grup genotypowych *IGF1R/Cfr42I*.

Wśród osobników rasy pbz lochy o genotypie *AB* rodziły więcej prosiąt w czwartym miocie w porównaniu z lochami o pozostałych genotypach *IGF1R/Cfr42I*. Lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *AB* urodziły tyle samo prosiąt w czwartym miocie. Stwierdzono także, że lochy rasy pbz o genotypie *BB* odchowały do wieku 21 dni identyczną liczbę prosiąt co lochy rasy wbp o genotypie *AA* w czwartym miocie, jednakże wśród loch rasy pbz obserwowano znacznie większą zmienność.

Najwięcej prosiąt żywo urodzonych w piątym miocie uzyskano od loch o genotypie *AB* obu badanych ras: 12,41 (pbz) i 12,12 (wbp). Z kolei lochy o genotypie *AA* należące do ras pbz i wbp odchowały identyczną liczbę prosiąt do 21. dnia życia – 11,08.

Najliczniejsze szóste mioty uzyskano od loch o genotypie *AB* (11,72), a najmniej liczne (10,45) od loch o genotypie *BB* należących do rasy pbz. W tych grupach genotypowych obserwowano również identyczne zależności pod względem liczby prosiąt odchowanych.

Z kolei wśród loch rasy wbp więcej prosiąt urodziły i odchowały w szóstym miocie lochy o genotypie *AA* w porównaniu z lochami o genotypie *AB*.

Analizując sześć kolejnych miotów stwierdzono u loch rasy wbp o genotypie *AA* najmniej liczne mioty w pierwszym oproszeniu, natomiast najliczniejsze w trzecim oproszeniu. Lochy o genotypach *AA* i *AB* odchowały do 21. dnia życia w pierwszym miocie najmniej prosiąt, odpowiednio 10,24 i 10,61.

Wśród loch rasy pbz najmniej liczne mioty wystąpiły podczas pierwszego oproszenia u loch o genotypie *AB*, a w szóstym miocie u loch o genotypie *AA*. W obu grupach genotypowych stwierdzono najliczniejsze mioty podczas trzeciego porodu. Lochy rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* odchowywały najmniej prosiąt w pierwszym miocie, a najwięcej w trzecim.

W kolejnych sześciu miotach nie stwierdzono istotnych różnic pomiędzy grupami genotypowymi loch w obrębie ras pod względem liczby żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia prosiąt.

W badanej grupie loch rasy pbz średnia liczba prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia od pierwszego do czwartego miotu była identyczna dla loch o genotypach *AA* i *AB*. Wśród loch rasy wbp nieco liczniejsze średnio mioty od pierwszego do czwartego obserwowano w grupie loch o genotypie *AA*. W odniesieniu do średniej liczby odchowanych prosiąt obserwowano identyczne wartości w grupie loch

o genotypach *AA* i *AB*. Należy podkreślić, że wartości tej cechy były bardzo zbliżone w badanych czterech grupach genotypowych, a mianowicie *AA* i *AB* rasy pbz oraz *AA* i *AB* rasy wbp. Bardzo podobne zależności pod względem średniej liczby prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia obserwowano analizując wartości tych cech dla poszczególnych badanych grup genotypowych od pierwszego do piątego oproszenia oraz od pierwszego do szóstego oproszenia.

Wśród loch rasy pbz najmniej łącznie w sześciu miotach urodziły lochy o genotypie *BB* (68,15 prosiąt), natomiast wśród rasy wbp – lochy o genotypie *AB* (69,98 prosiąt). Analizując liczbę odchowanych do 21. dnia życia prosiąt okazało się, że lochy te również odchowały najwięcej prosiąt w stosunku do urodzonych w swoich grupach rasowych.

W tabelach 27 i 28 podano wartości kolejnych cech charakteryzujących rozród svin – wiek pierwszego oproszenia oraz długość cykli rozplodowych.

Lochy ras pbz i wbp o genotypie *BB* były najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia, a ich wiek wynosił odpowiednio ponad 335 i 323 dni. Należy podkreślić, że loch o tym genotypie w badanej populacji było niewiele – 6 osobników w rasie pbz i 3 w rasie wbp. Najstarsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA* należące do rasy wbp (ponad 354 dni) oraz rasy pbz (około 345 dni). Zwierząt o tym genotypie wśród badanej grupy loch rasy pbz i wbp było zdecydowanie najwięcej.

Okres między pierwszym a drugim oproszeniem był najdłuższy u loch o genotypie *BB* i wynosił dla loch rasy pbz około 201 dni i loch rasy wbp ponad 182 dni. Natomiast u loch o genotypie *AA* należących do ras pbz okres ten wynosił około 187 dni, a dla rasy wbp ponad 170 dni. Większe zróżnicowanie pod względem tej cechy obserwowano wśród loch o genotypie *AB*, lochy rasy pbz charakteryzował okres o długości prawie 199 dni, a rasy wbp ponad 156 dni. Różnice w długości okresu między pierwszym a drugim oproszeniem okazały się nieistotne statystycznie między analizowanymi grupami genotypowymi *IGF1R/Cfr421* loch obu ras.

Najdłuższy okres między drugim a trzecim oproszeniem obserwowano u loch rasy pbz o genotypie *BB* i wynosił on ponad 267 dni, natomiast najkrótszy obserwowano u loch rasy wbp o genotypach *AA* (około 172 dni) i *AB* (około 178 dni), jednak różnice te nie zostały potwierdzone statystycznie.

U loch rasy pbz o genotypie *AB* stwierdzono dłuższy okres między trzecim a czwartym miotem (ponad 211 dni) niż u loch o genotypie *AA* (około 193 dni). Lochy rasy wbp charakteryzowały się krótszym okresem między trzecim a czwartym miotem, który dla loch o genotypie *AA* wynosił nieco ponad 164 dni i o genotypie *AB* około 171 dni. Obserwowane różnice między grupami loch o różnych genotypach *IGF1R/Cfr421* w obrębie ras okazały się nieistotne statystycznie.

Z kolei okres między czwartym a piątym oproszeniem u loch rasy pbz o genotypie *AA* wynosił ponad 185 dni, a u loch rasy wbp o tym samym genotypie około 168 dni. Różnice w długości trwania okresu pomiędzy miotem czwartym a piątym u loch o genotypie *AB* należących do ras pbz i wbp były znacznie mniejsze niż u loch o genotypie *AA*, a długość tych okresów wynosiła odpowiednio ponad 175 i około 173 dni.

Między piątym a szóstym oproszeniem obserwowano u loch rasy pbz o genotypach *AA* i *BB* prawie identyczny czas jego trwania wynoszący ponad 167 dni. W grupie loch rasy wbp różnice te były stosunkowo duże, gdyż długość okresu między piątym a szóstym oproszeniem w grupie loch o genotypie *AA* wynosiła około 162 i *AB* – prawie 147 dni.

Analizując okresy międzymiotów od pierwszego do szóstego oproszenia stwierdzono, że lochy rasy pbz wykazywały się znacznie dłuższymi cyklami rozplodowymi w porównaniu z lochami rasy wbp. Różnice w długości trwania okresów międzymiotów malały wraz z kolejnymi porodami. Spostrzeżenia te dotyczą czterech (*AA* i *AB* rasy pbz oraz *AA* i *AB* rasy wbp) analizowanych grup genotypowych loch. W grupie loch rasy pbz obserwowano najdłuższe okresy między drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem. Obserwacje te dotyczą grup loch o genotypach *AA* i *AB*. Również w grupie loch rasy wbp obserwowano najdłuższe okresy między drugim a trzecim oproszeniem, a najkrótsze pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem u loch reprezentujących genotypy *AA* i *AB*.

Analizując średnie okresy międzymiotów od pierwszego do czwartego oproszenia stwierdzono, że lochy o genotypie *BB* charakteryzowały się najdłuższym tym okresem zarówno wśród loch rasy pbz (prawie 226 dni), jak i wbp (prawie 186 dni). Najkrótszym średnim okresem międzymiotu od pierwszego do czwartego charakteryzowały się lochy rasy wbp o genotypie *AB* (około 165 dni).

Średni okres międzymiotu od pierwszego do piątego miotu był zbliżony u loch rasy pbz o genotypie *AA* (nieco ponad 207 dni) i *AB* (ponad 208 dni). Wśród loch rasy wbp krótszym średnim okresem międzymiotu od pierwszego do piątego miotu charakteryzowały się lochy o genotypie *AB* (około 167 dni) w porównaniu z lochami o genotypie *AA* (nieco ponad 171 dni).

Z kolei średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia najdłuższy był u loch o genotypie *AB* rasy pbz, natomiast najkrótszy u loch również o genotypie *AB* rasy wbp.

Obserwowane różnice w długości trwania cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach w obrębie obu ras okazały się nieistotne (tab. 27 i 28).

3.4. Charakterystyka cech rozrodczych loch w zależności od struktury genetycznej stada

Ze względów hodowlanych pożądane jest, aby lochy rodziły i odchowywały jak najwięcej prosiąt, wcześniej się po raz pierwszy prosiły oraz żeby okresy między kolejnymi miotami były jak najkrótsze. Cechy te, mające duże znaczenie gospodarcze, uwarunkowane są z reguły wieloma parami genów oraz podlegają wpływom środowiska. Czynniki środowiskowe mogą maskować oddziaływanie genów na poszczególne cechy ilościowe. Zatem poznanie genetycznego uwarunkowania tych cech może przyczynić się do osiągnięcia większego postępu hodowlanego w zakresie cech charakteryzujących rozród świń. Praca hodowlana nad doskonaleniem cech użytkowych prowadzona jest w stadach, w których znajdują się zwierzęta bardzo często zróżnicowane genotypowo.

Istotnym zagadnieniem ze względu na doskonalenie cech rozrodczych jest poznanie struktury genotypowej, mającej wpływ na wyniki użytkowości rozplodowej loch w badanych stadach.

3.4.1. Charakterystyka stad loch rasy pbz

W tabeli 29 przedstawiono wyniki użytkowości rozplodowej loch rasy pbz w sześciu objętych badaniami stadach zarodowych, natomiast strukturę genetyczną stad w tabelach 11 i 11a.

Tabela 29. Charakterystyka cech rozrodczych loch rasy polskiej białej zwiślouchej (pbz) w badanych stadach

Table 29. Reproduction traits characteristics of Polish Landrace (PL) sows in the herds analysed

Cecha Trait	Numer stada Herd number	Średnie wartości cech w kolejnych okresach rozrodczych (miotach) Trait mean values in subsequent reproduction periods (litters)					
		1	2	3	4	5	6
Wiek w dniu oproszenia (dni) Age at the first littering (days)	1	323,25	509,84	694,37	864,12	1025,60	1193,25
	2	370,20	589,36	811,18	1048,24	1252,00	1457,27
	3	354,40	531,18	709,36	881,44	1038,43	1187,86
	4	330,29	486,70	645,86	809,71	957,29	1099,20
	5	346,11	531,22	701,00	880,17	1060,33	1241,33
	6	317,70	475,79	644,78	795,83	944,50	1101,00
	Ogółem Total	343,18	526,94	712,24	903,43	1081,09	1238,06
Okres międzymiotu (dni) Inter-litter period (days)		1-2	2-3	3-4	4-5	5-6	
	1	187,16	184,53	166,29	171,10	170,13	
	2	219,04	230,86	236,57	221,17	206,45	
	3	177,65	176,33	174,00	170,89	164,23	
	4	156,65	155,86	156,57	147,57	147,40	
	5	185,11	171,38	180,58	183,33	174,33	
	6	158,71	161,66	149,16	147,00	156,50	
Ogółem Total	182,23	183,36	184,01	181,01	172,98		
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		1	2	3	4	5	6
	1	11,65	12,68	12,58	12,94	12,20	12,38
	2	10,88	11,36	11,59	11,76	11,55	11,55
	3	12,78	13,35	14,17	14,17	13,50	13,23
	4	10,71	11,85	11,86	11,71	11,43	11,20
	5	10,88	10,77	11,00	10,92	10,44	10,50
	6	10,78	11,79	11,33	11,17	10,50	11,00
Ogółem Total	10,95	11,48	11,92	11,78	11,74	11,87	
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		1	2	3	4	5	6
	1	10,90	11,32	11,58	11,88	11,20	11,25
	2	10,24	10,44	10,95	10,90	10,89	10,72
	3	10,98	10,98	11,74	10,36	11,61	10,73
	4	10,67	11,75	11,86	11,71	11,29	11,20
	5	10,67	10,78	10,69	10,75	10,44	10,33
	6	10,61	11,50	11,22	11,00	10,50	11,00
Ogółem Total	10,71	11,06	11,41	11,28	11,18	10,81	

Analizując wpływ polimorfizmu w locus *RYR1* wśród osobników rasy pbz stwierdzono, że w stadzie szóstym, w którym udział genotypu *CC* był największy (0,7390), lochy były najmłodsze w czasie pierwszego oproszenia. W stadzie tym obserwowano najkrótsze okresy międzymiotu pomiędzy trzecim a czwartym oproszeniem oraz czwartym a piątym oproszeniem, natomiast pozostałe okresy międzymiotów były nieznacznie krótsze u loch w stadzie nr 4, gdzie częstość genotypu *CC* wynosiła 0,6250. Długość okresu międzymiotu wpłynęła na wiek loch w czasie kolejnych oproszeń. Do piątego oproszenia najmłodsze okazały się lochy ze stada nr 6, natomiast w czasie szóstego

oproszenia nieznacznie młodsze okazały się lochy ze stada nr 4. W obu stadach (nr 4 i nr 6) wartości dotyczące cech średniego wieku loch w chwili rodzenia kolejnych sześciorodków oraz długości okresu międzymiotów były niższe niż średnie wartości tych cech w całej badanej grupie rasowej.

W stadach nr 6 i 4, gdzie udział loch o genotypie *CC* był największy, zaobserwowano niższe wydajności pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia od średniej w badanej grupie. Najlepsze wyniki dotyczące liczby urodzonych i odchowanych prosiąt zaobserwowano w stadzie nr 3 i w stadzie nr 1 – frekwencja homozygot *CC* była najniższa i wynosiła odpowiednio 0,5200 oraz 0,5000.

W badanej grupie loch rasy pbz częstość występowania genotypu *ESR/PvuII AA* największa była w stadzie nr 2 (0,4000). Lochy w tym stadzie były najstarsze w chwili pierwszego oproszenia (nieco ponad 370 dni) w porównaniu z lochami z pozostałych pięciu stad. Poza tym obserwowano również w tym stadzie najdłuższe okresy między kolejnymi miotami, co wpłynęło na wiek loch w momencie kolejnych porodów. Pod względem liczby żywo urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia przez lochy w stadzie nr 2 obserwowano wartości tych cech nieco poniżej średniej badanej populacji.

Genotyp *AB ESR/PvuII* najczęściej (0,9130) występował w stadzie nr 6. Lochy w tym stadzie były najmłodsze w czasie kolejnych porodów (od pierwszego do piątego) oraz charakteryzowały się stosunkowo krótkimi okresami międzymiotów. W stadzie tym zaobserwowano niższe wydajności pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia od średniej w badanej populacji.

Z kolei loch o genotypie *BB ESR/PvuII* najczęściej obserwowano w stadzie nr 3. Lochy z tego stada charakteryzowały się tym, że były nieco starsze w chwili pierwszego i drugiego oproszenia w stosunku do średniej badanej grupy. W kolejnych czterech oproszeniach zanotowano niższy wiek loch ze stada nr 3 niż przeciętna w badanej grupie loch rasy pbz. W stadzie tym obserwowano okresy międzymiotu pomiędzy kolejnymi oproszeniami krótsze niż przeciętne dla badanej populacji. Pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia lochy z tego stada (nr 3) osiągnęły najlepsze wyniki spośród sześciu analizowanych stad.

Najczęstszym genotypem w obrębie locus *ESR/AvaI* w poszczególnych stadach loch był genotyp *MW*, który występował z częstością od 0,6400 (stado nr 2) do 0,9565 (stado nr 6). Wyjątek stanowi stado nr 4, gdzie frekwencja tego genotypu wynosiła zaledwie 0,1667. W stadzie nr 6 lochy były w chwili pierwszego oproszenia, a także w pozostałych kolejnych czterech oproszeniach najmłodsze w porównaniu z lochami z pozostałych stad. Lochy z tego stada charakteryzowały się także krótszymi okresami międzyoproszeniowymi w stosunku do średniej badanej grupy loch. Analizując liczbę prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia w kolejnych miotach stwierdzono, że w stadzie nr 6 wartości tych cech były poniżej średniej badanej grupy loch.

Najwięcej loch o genotypie *WW ESR/AvaI* występowało w stadzie nr 4, gdzie częstość loch o tym genotypie wynosiła 0,6667. W stadach nr 3 i nr 6 nie odnotowano żadnej lochy o genotypie *WW ESR/AvaI*. Lochy w stadzie nr 4 charakteryzowały się najkrótszymi okresami międzymiotów w stosunku do pozostałych stad, co wpłynęło na ich młody wiek w chwili kolejnych oproszeń. W stadzie tym obserwowano nieznacznie mniej liczne kolejne mioty w chwili urodzenia, ale liczniejsze w 21. dniu w porównaniu do średniej badanej grupy. Trzeci genotyp *MM ESR/AvaI* w poszczególnych stadach występował z bardzo niską częstością od 0,0000 (stado nr 5) do 0,1667 (stado nr 4). Tak

niski udział genotypu *MM* nie pozwolił na określenie jego wpływu na wartości cech rozrodczych w poszczególnych stadach.

Badając genotypy *ESR/MspA11* w poszczególnych stadach stwierdzono występowanie genotypu *AA* z częstością od 0,5200 (stado nr 2) do 0,8333 (stado nr 4), a genotypu *AB* od 0,1667 (stado nr 4) do 0,4400 (stado nr 2). Lochy ze stada nr 2 były znacznie starsze w wieku pierwszego oraz kolejnych oproszeń w porównaniu z lochami ze stada nr 4. W stadzie nr 2 obserwowano także znacznie dłuższe cykle rozplodowe niż w stadzie nr 4. Z kolei nie odnotowano dużych różnic pod względem liczby urodzonych i odchowanych prosiąt w kolejnych sześciu miotach przez lochy z obu stad.

W badanych stadach loch zanotowano zróżnicowaną częstość występowania poszczególnych genotypów *CYP21/HaeIII*. Lochy o genotypie *AA* stanowiły największy udział w pogłowie stada nr 4, w którym obserwowano najkrótsze okresy międzymiotów oraz młodszy wiek w chwili pierwszego i kolejnych oproszeń w stosunku do loch z pozostałych stad. Z kolei lochy o genotypie *AB* stanowiły największy udział w stadzie nr 1, w którym odnotowano mioty liczniejsze w stosunku do średniej badanej grupy zarówno w chwili urodzenia, jak i w wieku 21 dni. Największą częstość genotypu *BB* stwierdzono w stadzie nr 2. Lochy w tym stadzie charakteryzowały się najdłuższymi cyklami rozplodowymi w stosunku do loch z pozostałych stad. Jednocześnie w chwili pierwszego oproszenia i kolejnych pięciu oproszeń były najstarsze. W stadzie tym obserwowano liczebność kolejnych miotów w chwili urodzenia oraz w 21 dniu życia nieco poniżej średnich wartości badanej grupy loch rasy pbz.

Stwierdzono zróżnicowanie odnośnie udziału poszczególnych genotypów *CYP21/NciI* w badanych stadach loch. Genotyp *AA* najczęściej obserwowano w stadzie nr 1, w którym odnotowano mioty liczniejsze w stosunku do średniej badanej grupy zarówno w chwili urodzenia, jak i w wieku 21 dni. Lochy o genotypie *AB* w stadzie nr 4 stanowiły zdecydowaną większość. Obserwowano w stadzie nr 4 najkrótsze okresy międzymiotów w porównaniu z pozostałymi stadami. Stwierdzono w nim nieznacznie mniej liczne kolejne mioty w chwili urodzenia, ale liczniejsze w 21. dniu życia w stosunku do średniej badanej grupy.

Z kolei częstość występowania trzeciego genotypu *BB* była zbliżona w stadach nr 2, 3 oraz 4. Należy podkreślić, że w stadzie nr 3 obserwowano frekwencję 0,2000 loch o genotypie *AA*, 0,5400 o genotypie *AB* oraz 0,2600 o genotypie *BB*. Lochy w tym stadzie charakteryzowały się najwyższą średnią liczebnością prosiąt żywo urodzonych w kolejnych sześciu miotach. Jednocześnie obserwowano w nim krótsze okresy między kolejnymi oproszeniami w porównaniu ze średnimi w badanej grupie loch.

Badając wpływ genotypów *IGF1R/Cfr42I* na cechy rozrodcze stwierdzono, że lochy o genotypie *AA* najczęściej występowały w stadzie nr 3. Zależności jakie zaobserwowano pomiędzy wiekiem kolejnego oproszenia, okresami międzymiotów, liczbą urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia są identyczne jak w przypadku loch o genotypie *ESR/PvuII BB*.

Z kolei lochy o genotypie *AB* najczęściej występowały w stadzie nr 5, w którym obserwowano najmniej liczne mioty w czasie urodzenia od drugiego do szóstego miotu. Także liczba odchowanych do 21. dnia życia prosiąt przez lochy w tym stadzie w kolejnych sześciu miotach należała do jednych z najniższych w badanej populacji.

Lochy o genotypie *BB* najczęściej występowały w stadzie nr 1. Lochy w tym stadzie charakteryzowały się niższym wiekiem podczas kolejnych oproszeń w stosunku do średniej w badanej populacji. Liczba prosiąt żywo urodzonych i odchowanych przez lochy w tym stadzie należała do znacznie przewyższających średnią badanej populacji.

Należy podkreślić, że w poszczególnych stadach obserwowano zróżnicowanie genotypowe loch oraz wartości analizowanych cech dotyczących rozrodu. W stadach, w których obserwowano najkorzystniejsze wartości tych cech, udział loch reprezentujących poszczególne genotypy w obrębie analizowanych genów był zróżnicowany.

W stadzie nr 1, w którym najliczniej reprezentowane były lochy o genotypach *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AB*, *ESR/AvaI MW*, *ESR/MspA1I AA*, *CYP21/HaeIII AB*, *CYP21/NciI AA* oraz *IGF1R AA* stwierdzono największą liczbę prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w czwartym i szóstym miocie.

Z kolei w stadzie nr 3 obserwowano najliczniej występujące lochy o genotypach *RYR1 CC*, *ESR/PvuII BB*, *ESR/AvaI MW*, *ESR/MspA1I AA*, *CYP21/HaeIII BB*, *CYP21/NciI AB* oraz *IGF1R AA*. Lochy w tym stadzie urodziły najwięcej prosiąt we wszystkich kolejnych sześciu miotach oraz odchowały do wieku 21 dni najliczniejsze potomstwo w miocie pierwszym i piątym.

W stadzie nr 4 najczęściej obserwowano lochy o genotypach *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AB*, *ESR/AvaI WW*, *ESR/MspA1I AA*, *CYP21/HaeIII AA*, *CYP21/NciI AB* oraz *IGF1R AA*. W tym stadzie obserwowano najkrótsze okresy między pierwszym a drugim, drugim a trzecim oraz piątym a szóstym oproszeniem. Stwierdzono także, że lochy z tego stada odchowały do 21. dnia życia najwięcej prosiąt w drugim i trzecim miocie.

W stadzie nr 6 obserwowano najwyższą frekwencję genotypów *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AB*, *ESR/AvaI MW*, *ESR/MspA1I AA* oraz *IGF1R AA*. Lochy z tego stada były najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia oraz wykazywały najkrótszy okres między trzecim a czwartym i czwartym a piątym oproszeniem.

3.4.2. Charakterystyka stad loch rasy wbp

W tabeli 30 przedstawiono wyniki użytkowości rozplodowej loch rasy wbp z sześciu badanych stad zarodowych, natomiast strukturę genetyczną stad w tabelach 13 i 13a.

Badając wpływ genotypu w locus *RYR1* wśród osobników rasy wbp stwierdzono, że w stadach nr 5 i nr 6, w których frekwencja genotypu *CC* była największa (1,0000), lochy różniły się wiekiem w dniach kolejnych sześciu oproszeń. Jednocześnie w obu stadach stwierdzono, że lochy podczas kolejnych oproszeń były starsze w porównaniu ze średnią wieku w badanej grupie. W stadzie nr 2, w którym częstość loch o genotypie heterozygotycznym była największa (0,1842) w porównaniu z pozostałymi stadami stwierdzono, że lochy w tym stadzie w chwili pierwszego, drugiego i trzeciego oproszenia były nieco młodsze w stosunku do średnich badanej grupy. Z kolei w dniu czwartego, piątego i szóstego oproszenia były nieco starsze. Pod względem liczby prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia w kolejnych sześciu miotach w stadzie nr 2 obserwowano zbliżone wartości tych cech do średnich w badanej grupie loch.

W stadzie nr 6 nie występowały lochy o genotypie *AA ESR/PvuII*, a w stadzie nr 2 o genotypie *BB*. Największą częstość loch o genotypie *AA* obserwowano w stadzie nr 4 (0,7333). Lochy w tym stadzie charakteryzowały się mniej licznymi miotami w chwili urodzenia, a także mniej odchowywały do 21. dnia życia prosiąt w kolejnych sześciu miotach w porównaniu ze średnimi wartościami obserwowanymi w badanej grupie loch. Jednocześnie w tym stadzie obserwowano krótsze okresy międzyoproszeniowe z wyjątkiem okresu pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem.

Tabela 30. Charakterystyka cech rozrodczych loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp) w badanych stadach

Table 30. Reproduction traits characteristics of Polish Large White (PLW) sows in the herds analysed

Cecha Trait	Numer stada Herd number	Średnie wartości cech w kolejnych okresach rozrodczych (miotach) Trait mean values in subsequent reproduction periods (litters)					
		1	2	3	4	5	6
Wiek w dniu oproszenia (dni) Age at the first littering (days)	1	320,86	506,60	668,31	834,48	977,57	1118,56
	2	343,32	514,37	682,06	866,70	1017,35	1178,74
	3	345,70	507,85	675,52	841,18	1008,58	1156,62
	4	360,80	520,15	685,47	850,10	1012,86	1190,83
	5	357,61	532,21	711,09	883,38	1056,14	1227,50
	6	390,37	555,55	720,82	913,25	1065,00	1316,00
	Ogółem Total	352,47	519,63	683,80	853,28	1008,14	1168,89
Okres międzymiot (dni) Inter-litter period (days)		1-2	2-3	3-4	4-5	5-6	
	1	185,73	166,48	166,17	161,91	165,69	
	2	171,05	161,94	176,19	157,48	157,73	
	3	162,15	167,67	166,36	167,47	172,62	
	4	162,62	165,27	159,60	160,29	170,17	
	5	174,21	178,09	172,38	168,29	171,83	
	6	177,50	167,09	159,00	172,00	251,00	
Ogółem Total	172,05	167,24	168,47	162,62	168,48		
Liczba prosiąt żywo urodzonych Number of piglets born alive		1	2	3	4	5	6
	1	11,10	11,77	12,55	11,89	11,65	12,06
	2	11,03	11,82	11,71	11,59	11,83	11,84
	3	10,70	11,41	12,41	12,23	12,11	11,92
	4	9,97	11,00	11,60	11,50	11,29	11,67
	5	11,89	12,00	11,91	11,88	11,57	11,83
	6	10,63	10,80	10,27	10,25	10,50	11,00
Ogółem Total	10,96	11,48	11,93	11,78	11,74	11,87	
Liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia Number of piglets reared until day 21		1	2	3	4	5	6
	1	10,57	11,17	11,28	10,66	10,91	10,81
	2	10,34	10,97	10,82	10,85	10,96	11,26
	3	10,33	10,85	11,29	10,95	10,95	11,00
	4	9,97	10,58	10,73	10,90	10,57	11,00
	5	11,89	11,93	11,91	11,87	11,57	11,83
	6	10,63	10,75	10,18	10,25	10,50	11,00
Ogółem Total	10,53	10,98	11,06	10,88	11,74	11,12	

Największą częstość genotypu *AB* (0,9333) obserwowano w stadzie nr 6. Lochy z tego stada były najstarsze w chwili pierwszego i kolejnych pięciu oproszeń w porównaniu z lochami z innych stad. Poza tym u loch w stadzie nr 6 od drugiego do szóstego miotu obserwowano najmniej liczne potomstwo zarówno w momencie urodzenia, jak i w wieku 21 dni w porównaniu z lochami z pozostałych stad.

Kolejnym genem analizowanym w badanej grupie loch był *ESR/AvaI*. Największą częstość występowania genotypu *MW* (0,9333) odnotowano w stadzie nr 4. Zależności

zaobserwowane między okresami międzymiotów, liczbą urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia są identyczne jak w przypadku loch o genotypie *AA ESR/PvuII*, gdyż dotyczą loch z tego samego stada.

Z kolei w stadzie nr 3 odnotowano największą częstość genotypu *WW* (0,7407). Lochy z tego stada były młodsze w chwili pierwszego i kolejnych pięciu oproszeń w porównaniu ze średnimi dotyczącymi całej badanej grupy loch rasy wbp.

Genotyp *MM* obserwowano najczęściej w stadzie nr 1 (0,5000). Analizując w stadzie nr 1 wiek loch w chwili pierwszego i kolejnych oproszeń stwierdzono, że były one najmłodsze spośród loch utrzymywanych w pozostałych stadach. Jednocześnie rodziły one w kolejnych miotach więcej prosiąt niż średnia w całej badanej grupie loch rasy wbp.

W badanych stadach loch, spośród genotypów *ESR/MspA1I* sporadycznie występował genotyp *BB*.

W stadzie nr 2 z największą częstością występowały lochy o genotypie *AA* (0,7368). Lochy w tym stadzie w chwili pierwszego, drugiego i trzeciego oproszenia były nieco młodsze w stosunku do średnich badanej grupy. Z kolei w dniu czwartego, piątego i szóstego oproszenia były nieco starsze. Pod względem liczby prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia w kolejnych sześciu miotach obserwowano w stadzie nr 2 zbliżone wartości tych cech do średnich w badanej grupie loch.

Z kolei w stadzie nr 3 najczęściej obserwowano wśród loch genotyp *AB* (0,7037). Lochy z tego stada były młodsze w chwili pierwszego i kolejnych pięciu oproszeń w porównaniu ze średnimi dotyczącymi całej badanej grupy loch rasy wbp.

W badanych stadach loch obserwowano zróżnicowaną częstość występowania poszczególnych genotypów *CYP21/HaeIII*. Spośród genotypów *CYP21/HaeIII* w badanych stadach loch najczęściej występował genotyp *AB*, którego frekwencja kształtowała się na poziomie od 0,5000 (stado nr 5) do 0,9333 (stado nr 4). Zależności zaobserwowane w stadzie nr 4 między okresami międzymiotów, liczbą urodzonych i odchowanych prosiąt do 21. dnia życia są identyczne jak dla loch o genotypie *AA ESR/PvuII*, gdyż dotyczą loch z tego samego stada. W stadzie nr 5, gdzie obserwowano występowanie loch o genotypie *AA* (0,5000) i *AB* (0,5000), lochy odchowywały do wieku 21 dni w kolejnych sześciu miotach więcej prosiąt w porównaniu ze średnią badanej grupy.

Kolejnym genem analizowanym w badanej grupie loch był *CYP21/NciI*. W stadzie nr 1 lochy o genotypie *AA* występowały z częstością 0,9000, a w stadzie nr 4 nie obserwowano w ogóle loch o genotypie *AA*. Analizując w stadzie nr 1 wiek loch w chwili pierwszego i kolejnych oproszeń stwierdzono, że były one najmłodsze spośród loch utrzymywanych w pozostałych stadach. Jednocześnie rodziły one w kolejnych miotach więcej prosiąt niż średnia w całej badanej grupie loch rasy wbp.

Częstość występowania genotypu *AB* kształtowała się od 0,1000 (stado nr 1) do 0,6667 (stado nr 4). Z kolei lochy o genotypie *BB* nie występowały w stadzie nr 1, a w stadzie nr 4 ich frekwencja wynosiła 0,3333. Lochy ze stada nr 4 charakteryzowały się mniej licznymi miotami w chwili urodzenia i odchowania do 21. dnia życia prosiąt w kolejnych sześciu miotach w odniesieniu do średnich wartości obserwowanych w badanej grupie loch, jednocześnie obserwowano krótsze okresy międzymiotów z wyjątkiem okresu pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem. Należy podkreślić, że w stadzie nr 5 udział loch o genotypach *AA*, *AB* i *BB* był zbliżony, a lochy utrzymywane w tym stadzie odchowywały do wieku 21 dni w kolejnych sześciu miotach więcej prosiąt w porównaniu ze średnią badanej grupy.

Spośród genotypów *IGF1R/Cfr42I* w badanych stadach loch sporadycznie występował genotyp *BB*. Lochy o genotypie *BB* występowały tylko w stadach nr 1 i 3.

W stadach nr 2, 5 i 6 obserwowano występowanie loch tylko o genotypie *AA*, natomiast lochy o genotypie *AB* najczęściej występowały w stadzie nr 3 (0,3333). W stadach nr 1 i 3 obserwowano występowanie loch o trzech genotypach (*AA*, *AB* i *BB*). Analizując w stadzie nr 1 wiek loch w chwili pierwszego i kolejnych oproszeń stwierdzono, że były one najmłodsze spośród loch utrzymywanych w pozostałych stadach. Jednocześnie rodziły one w kolejnych miotach więcej prosiąt niż średnia w całej badanej grupie loch rasy wbp. Lochy ze stada nr 3 były młodsze w chwili pierwszego i kolejnych pięciu oproszeń w porównaniu ze średnimi dotyczącymi całej badanej grupy loch rasy wbp.

Analizując strukturę genetyczną poszczególnych stad oraz wartości cech dotyczących rozrodu stwierdzono znaczne zróżnicowanie w obrębie badanej grupy loch rasy wbp.

W stadzie nr 1 zdecydowanie najczęściej występowały lochy o następujących genotypach: *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AA*, *ESR/AvaI MM*, *ESR/MspA1I AA*, *CYP21/HaeIII AB*, *CYP21/NciI AA* oraz *IGF1R AA*. Lochy z tego stada charakteryzowały się najmłodszym wiekiem w chwili pierwszego oproszenia oraz największą liczbą prosiąt żywo urodzonych w trzecim i szóstym miocie w stosunku do loch z pozostałych stad.

W stadzie nr 2 najczęściej obserwowano lochy o genotypach *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AB*, *ESR/AvaI MW*, *ESR/MspA1I AA*, *CYP21/HaeIII AB*, *CYP21/NciI AB* oraz *IGF1R AA*, które charakteryzowały się najkrótszym okresem pomiędzy drugim a trzecim, czwartym a piątym oraz piątym a szóstym oproszeniem.

Lochy ze stada nr 3 najczęściej reprezentowały genotypy *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AA*, *ESR/AvaI WW*, *ESR/MspA1I AB*, *CYP21/HaeIII AB*, *CYP21/NciI AB* oraz *IGF1R AA*. W stadzie tym odnotowano najkrótszy okres między pierwszym a drugim oproszeniem, a także najliczniejsze czwarte i piąte mioty w chwili urodzenia.

W stadzie nr 5 obserwowano najwięcej odchowanych prosiąt do wieku 21 dni w kolejnych sześciu miotach oraz urodzonych w pierwszym i drugim miocie. Wśród loch najczęściej występowały genotypy *RYR1 CC*, *ESR/PvuII AA* i *AB*, *ESR/AvaI WW*, *ESR/MspA1I AB*, *CYP21/HaeIII AA* i *AB*, *CYP21/NciI AB* oraz *IGF1R A*.

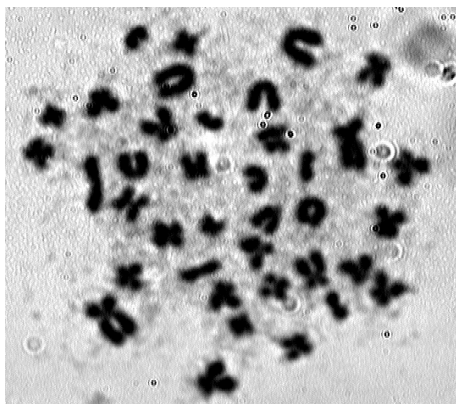
3.5. Charakterystyka cytogenetyczna wybranej grupy loch

Ocena prawidłowości kariotypu wymaga uwzględnienia faktu występowania polimorfizmu chromosomowego u trzody chlewnej. W odniesieniu do chromosomów można wyróżnić następujące formy polimorfizmu:

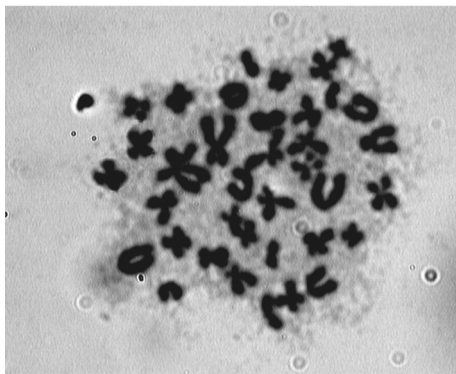
- polimorfizm długości chromosomów – długość względną chromosomów płci, zwłaszcza chromosomu Y,
- polimorfizm liczby i wielkości odcinków chromosomów specyficznych pod względem struktury i funkcji – wielkość bloków heterochromatyny centromerowej oraz obszarów jąderkotwórczych,
- polimorfizm wielkości chromosomów – zróżnicowanie powierzchni chromosomów płci i autosomów.

Badaniem cytogenetycznym objęto 40 losowo wybranych loch (20 rasy wbp i 20 rasy pbz). W preparatach mikroskopowych znaleziono liczne metafazy z dobrze rozproszonymi chromosomami, a obrazy płytek metafazowych pozwoliły na ułożenie kariotypów. Podczas obserwacji płytek metafazowych w mikroskopie świetlnym nie wykryto żadnych nieprawidłowości w kariotypach badanych loch.

Lochy posiadały prawidłową liczbą chromosomów charakterystyczną dla gatunku i płci $2n = 38,XX$. Przykładowe zdjęcia płytek metafazowych obserwowanych pod mikroskopem przedstawiono na fotografiach 8 i 9.



Fot. 8. Płytką metafazowa lochy rasy pbz
 Phot. 8. Example metaphase plate from a Polish Landrace sow



Fot. 9. Płytką metafazowa lochy rasy wbp
 Phot. 9. Example metaphase plate from a Polish Large White sow

Wielkości powierzchni chromosomów autosomalnych i chromosomów płci obserwowanych w płytkach metafazowych zamieszczono w tabeli 31.

W badanej grupie loch rasy wbp średnia powierzchnia chromosomów (łącznie autosomów i chromosomów płci) w płytce metafazowej kształtowała się w granicach od 134,573 do 173,726 μm^2 , stąd średnia powierzchnia chromosomów obserwowanych w płytce metafazowej wynosiła 158,025 μm^2 . Powierzchnia chromosomów autosomalnych wahała się w granicach od 127,275 do 164,637 μm^2 . Obserwowana średnia powierzchnia chromosomów autosomalnych w płytce metafazowej wynosiła 150,014 μm^2 .

Średnia powierzchnia chromosomów płci w płytkach metafazowych badanych loch rasy wbp wynosiła 8,011 μm^2 (od 7,069 do 10,891 μm^2). Z kolei średnia powierzchnia względna chromosomów płci wynosiła 5,355% i wahała się w granicach od 4,191 do 6,688%.

W badanej grupie loch rasy pbz średnia powierzchnia chromosomów (łącznie autosomów i chromosomów płci) w płytce metafazowej kształtowała się w granicach od 133,616 do 166,035 μm^2 , stąd średnia powierzchnia chromosomów obserwowanych w płytce metafazowej wynosiła 151,252 μm^2 . Powierzchnia chromosomów autosomal-

nych wahała się w granicach od 126,332 do 158,986 μm^2 . Obserwowana średnia powierzchnia chromosomów autosomalnych w płytce metafazowej wynosiła 143,774 μm^2 .

Średnia powierzchnia chromosomów płci w płytkach metafazowych badanych loch rasy pbz wynosiła 7,478 μm^2 (od 6,974 do 8,133 μm^2). Z kolei średnia powierzchnia względna chromosomów płci wynosiła 5,214% i wahała się w granicach od 4,434 do 5,814%.

Lochy rasy pbz charakteryzowały się mniejszą średnią powierzchnią chromosomów w płytce metafazowej w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp. Zależność ta dotyczyła zarówno chromosomów płci, jak i autosomów. Powierzchnia względna chromosomów płci i udział chromatyd chromosomów płci okazały się także mniejsze u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp.

Tabela 31. Charakterystyka powierzchni chromosomów obserwowanych w płytkach metafazowych badanych loch ras polskiej białej zwistouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)

Table 31. Characteristics of chromosome surfaces observed in metaphase plates of the analysed Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Rasa – Breed	
		wbp – PLW	pbz – PL
Powierzchnia chromosomów płci Sex chromosomes surface (μm^2)	\bar{x}	8,011	7,478
	Rozstęp Range	7,069-10,891	6,974-8,133
	S_x	0,967	0,395
Powierzchnia chromosomów autosomalnych Autosomal chromosomes surface (μm^2)	\bar{x}	150,014	143,774
	Rozstęp Range	127,275-164,637	126,332-158,986
	S_x	10,691	7,084
Łączna powierzchnia chromosomów Total chromosome surface (μm^2)	\bar{x}	158,025	151,252
	Rozstęp Range	134,573-173,726	133,616-166,035
	S_x	11,194	7,155
Powierzchnia względna chromosomów płci Relative surface of sex chromosomes (%)	\bar{x}	5,355	5,214
	Rozstęp Range	4,191-6,688	4,434-5,814
	S_x	0,625	0,378
Udział chromatyd chromosomów płci Sex chromosome chromatids participation (%)	\bar{x}	5,070	4,944
	Rozstęp Range	4,022-6,269	4,246-5,494
	S_x	0,564	0,344

\bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

Analizując zmienność powierzchni chromatyd chromosomów płci i chromosomów autosomalnych stwierdzono większą zmienność u loch rasy wbp w porównaniu z lochami rasy pbz.

Analizując wielkość powierzchni chromosomów stwierdzono różnice osobnicze zarówno pod względem wielkości chromosomów autosomalnych, jak i płci. Świadczy to o polimorfizmie chromosomowym u badanych loch.

Heterochromatyna konstytutywna występuje u świń w obrębie centromerów chromosomów akrocentrycznych – w parach 13-18. Wyniki pomiarów wielkości chromosomów z par 13 do 18 oraz heterochromatyny konstytutywnej zamieszczono w tabeli 32.

Tabela 32. Charakterystyka bloków heterochromatyny centromerowej w chromosomach par od 13. do 18. w badanej grupie loch ras polskiej białej zwiłtocuhej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)

Table 32. Characteristics of centromere heterochromatic blocks in chromosomes of pairs 13 to 18 in the group of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows examined

Cecha – Trait	Miary statystyczne Statistical measures	Numery par chromosomów Chromosome pair numbers	Rasa – Breed	
			wbp – PLW	pbz – PL
Powierzchnia chromosomów Chromosome surface (μm^2)	\bar{x}	13	6,496	4,353
		14	5,131	3,412
		15	3,996	2,981
		16	2,714	1,833
		17	1,981	1,425
		18		1,058
	S_x	13	0,892	1,015
		14	0,743	0,743
		15	0,844	0,624
		16	0,499	0,308
Powierzchnia centromeru Centromere surface (μm^2)	\bar{x}	13	0,494	0,419
		14	0,449	0,357
		15	0,444	0,362
		16	0,388	0,316
		17	0,341	0,251
		18		0,243
	S_x	13	0,088	0,107
		14	0,087	0,079
		15	0,089	0,137
		16	0,096	0,096
Udział heterochromatyny Heterochromatin share (%)	\bar{x}	13	7,66	9,63
		14	7,67	10,69
		15	11,36	11,87
		16	14,33	17,14
		17	17,55	18,06
		18		23,46
	S_x	13	1,231	1,879
		14	1,717	2,476
		15	2,566	3,643
		16	2,647	5,143
		17	4,566	6,784
		18		8,410

\bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

Średnia powierzchnia chromosomów była największa w parze 13 i wynosiła u badanych loch rasy wbp $6,496 \mu\text{m}^2$. Wielkość chromosomów w kolejnych parach malała do $1,981 \mu\text{m}^2$ w parze 17. Zmierzone średnie powierzchnie rejonów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych par od 13. do 17. okazały się bardzo zbliżone i wynosiły od $0,341 \mu\text{m}^2$ w parze 17 do $0,494 \mu\text{m}^2$ w parze 13. Pomiary względne heterochromatyny, czyli jej udział w stosunku do powierzchni chromosomów, wskazywały na coraz większy procentowy udział tych powierzchni w kolejnych malejących chromosomach świń (od 7,66% w parach 13 i 14 do 17,55% w parze 17).

Średnia powierzchnia chromosomów była największa w parze 13 i wynosiła u badanych loch rasy pbz $4,353 \mu\text{m}^2$. Wielkość chromosomów w kolejnych parach malała do $1,058 \mu\text{m}^2$ w parze 18. Zmierzone średnie powierzchnie rejonów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych par od 13 do 18 wynosiły od $0,243 \mu\text{m}^2$ w parze 18 do $0,419 \mu\text{m}^2$ w parze 13. Pomiary względne heterochromatyny, czyli jej udział w stosunku do powierzchni chromosomów, wskazywały na coraz większy procentowy udział tych powierzchni w kolejnych malejących chromosomach świń (od 9,63% w parach 13 i 14 do 23,46% w parze 18).

Zmierzone powierzchnie rejonów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych par od 13 do 17 okazały się większe u loch rasy wbp niż pbz. Względne powierzchnie tych rejonów w odniesieniu do powierzchni chromosomów kształtowały się odwrotnie, wykazywały większe wartości dla rasy pbz niż wbp. Pomiary względne heterochromatyny w porównaniu z powierzchnią chromosomów wskazywały na coraz większy procentowy udział tych powierzchni w kolejnych malejących chromosomach świń obu ras. U loch należących do rasy pbz obserwowano większą zmienność mierzonych powierzchni rejonów heterochromatyny centromerowej i jej procentowego udziału w powierzchni danego chromosomu w porównaniu z lochami rasy wbp. Wyniki te wskazują na różnice rasowe u świń w odniesieniu do powierzchni rejonów heterochromatyny centromerowej.

Obszary jąderkotwórcze u świń występują w 8 i 10 parze chromosomów autosomalnych. Wyniki dotyczące pomiarów tych struktur zamieszczono w tabeli 33.

Badając wielkość powierzchni chromosomów stwierdzono, że chromosomy w parze 8 mają w porównaniu z chromosomami pary 10 większą powierzchnię. Spostrzeżenie to dotyczy obu badanych grup rasowych loch. Średnia wielkość chromosomów w parze 8 była nieznacznie większa u loch rasy pbz. Jednocześnie obserwowano także większą zmienność pod względem wielkości chromosomów w parze 8 u loch rasy pbz. Odwrotną sytuację odnotowano w stosunku do wielkości chromosomów pary 10, u loch rasy wbp obserwowano większe chromosomy i większą ich zmienność w porównaniu z lochami rasy pbz.

Wielkość obszarów Ag-NOR w obu badanych grupach loch okazała się większa w 10 parze chromosomów w porównaniu z parą 8. W parze 8 chromosomów zaobserwowano zbliżoną wielkość obszarów jąderkotwórczych w obu badanych grupach rasowych loch. Jednakże u loch rasy wbp obserwowano większą zmienność wielkości obszarów Ag-NOR.

Tabela 33. Charakterystyka powierzchni obszarów jąderkotwórczych (Ag-NOR) w badanej grupie loch ras polskiej białej zwistouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)

Table 33. Characteristics of nucleolar organizer regions (Ag-NOR) in the analysed group of Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sows

Cechy badane Analysed traits	Miary statystyczne Statistical measures	Chromosom w parze Chromosome in pair	Rasa – Breed			
			wbp – PLW		pbz – PL	
			8. para chromosomów Chromosome pair 8	10. para chromosomów Chromosome pair 10	8. para chromosomów Chromosome pair 8	10. para chromosomów Chromosome pair 10
Wielkość chromosomu Chromosome size (μm^2)	\bar{x}	1	4,6398	3,5549	4,8624	3,3651
		2	4,5173	3,4443	4,4203	3,3470
	Rozstęp Range	1	3,9031-5,2071	2,7103-4,1402	4,0177-5,9012	2,8677-3,8823
		2	3,7604-5,0532	2,6003-4,1724	3,8904-4,9921	2,7530-3,8764
	S_x	1	0,4006	0,4416	0,5213	0,3200
		2	0,3928	0,5135	0,5551	0,3182
Wielkość Ag-NOR Ag-NOR size (μm^2)	\bar{x}	1	0,1684	0,1993	0,1583	0,1948
		2	0,1621	0,2049	0,1651	0,1942
	Rozstęp Range	1	0,1003-0,2478	0,0543-0,3497	0,1024-0,2469	0,0119-0,3684
		2	0,0384-0,3490	0,0362-0,8430	0,1002-0,2476	0,0206-0,4210
	S_x	1	0,0551	0,0836	0,0447	0,1133
		2	0,0647	0,1329	0,0405	0,1087
Względna wielkość Ag-NOR Ag-NOR relative size	\bar{x}	1	0,0373	0,0530	0,0322	0,0554
		2	0,0352	0,0622	0,0372	0,0576
	Rozstęp Range	1	0,0204-0,0504	0,0265-0,0804	0,0240-0,0446	0,0075-0,0937
		2	0,0238-0,0596	0,0202-0,1698	0,0210-0,0530	0,0212-0,0937
	S_x	1	0,0105	0,0181	0,0060	0,0293
		2	0,0097	0,0359	0,0100	0,0264

\bar{x} , S_x – patrz tabela 1 – see Table 1

4. DYSKUSJA

4.1. Porównanie cech rozrodczych loch między rasami

W badaniach własnych poddano ocenie sześć kolejnych miotów uzyskanych od loch ras pbz i wbp pod względem liczby żywo urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia prosiąt. Analizując kolejne mioty stwierdzono nieznacznie wyższe wartości obu cech u loch rasy pbz w porównaniu z lochami wbp. Lochy rasy pbz rodziły średnio w pierwszym miocie 11,53 prosiąt, a rasy wbp 10,96, natomiast odchowywały odpowiednio 10,72 i 10,53 prosiąt. Z kolei w ostatnim (szóstym) z analizowanych miotów średnia liczebność miotu w dniu urodzenia wynosiła w grupie loch rasy pbz 12,19 prosiąt, a w grupie loch rasy wbp 11,87, natomiast w wieku 21 dni odpowiednio 10,81 i 11,12 prosiąt. W grupie loch, które urodziły cztery mioty zaobserwowano istotną różnicę w łącznej liczbie urodzonych żywo prosiąt pomiędzy lochami rasy pbz (49,30 prosiąt) a wbp (46,64 prosiąt). Jednakże pod względem liczby odchowanych prosiąt do 21. dnia życia, lochy rasy pbz odchowały tylko nieznacznie większą liczbę prosiąt (44,31) w porównaniu z lochami rasy wbp (43,65).

Bardzo podobne zależności obserwowano w grupach loch, które urodziły pięć miotów. Stwierdzono również istotne różnice w liczbie prosiąt urodzonych na korzyść loch rasy pbz (61,61) w porównaniu z rasą wbp (58,51), natomiast liczba prosiąt odchowanych nie wykazywała takiej różnicy (lochy rasy pbz – 55,54, lochy rasy wbp – 54,56).

Z kolei w grupie loch, które urodziły sześć miotów nie obserwowano istotnych różnic zarówno w liczbie urodzonych, jak i odchowanych prosiąt. Lochy rasy pbz urodziły łącznie średnio 73,92 prosiąt a odchowały 66,46, natomiast rasy wbp odpowiednio 70,26 i 65,67 prosiąt.

Otrzymane wyniki dotyczące liczebności miotów po urodzeniu i w 21. dniu życia w badanych grupach loch rasy pbz i wbp nie odbiegają od wartości tych cech podawanych w literaturze [44, 60, 90, 91, 111-117].

Lechowska [90] podaje, że w latach 1990-1996 produktywność życiowa wyrażona płodnością życiową loch pbz wynosiła średnio 40,13, a loch wbp 44,15 prosiąt. Wyrażona zaś liczbą urodzonych miotów dla loch rasy pbz miała wartość średnią 3,51, a u loch rasy wbp – 3,68 miotów. Autorka poddała szczegółowej analizie użytkowość rozplodową loch rasy pbz wpisanych do rejestru użytkowości rozplodowej, a utrzymywanych w rejonie południowo-wschodniej Małopolski. W czasie użytkowania lochy rodziły średnio 66,97 prosiąt (31% populacji loch urodziło do 70 prosiąt, a tylko 9% loch ponad 110 prosiąt) [91].

W latach 1998-2004 średnie wyniki charakteryzujące użytkowość rozplodową loch rasy wbp, podawane przez Instytut Zootechniki w Krakowie, w odniesieniu do zwierząt zarodowych przedstawiają się następująco: liczba prosiąt urodzonych w miocie od 11,41 do 11,59, liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia od 10,67 do 10,94. W tym samym okresie zarodowe lochy rasy pbz średnio w miocie rodziły od 11,51 do 11,66 prosiąt, odchowywały od 10,81 do 11,01 prosiąt [111, 113-117]. Należy zwrócić uwagę, że liczba prosiąt w 21. dniu życia w miotach loch rasy wbp na przestrzeni ostatnich 15 lat nie zmieniała się, gdyż w roku 1990 wynosiła średnio 10,99 prosięcia [92], a w 2004 – 10,93 [117].

Użytkowość rozplodowa loch rasy wbp na terenie działania bydgoskiej jednostki terenowej Krajowego Centrum Hodowli Zwierząt w latach 2000-2003 przedstawiała się następująco: liczba urodzonych prosiąt w miocie od 11,71 do 11,80, liczba prosiąt odchowanych od 10,95 do 11,09 [114-116].

Analiza płodności loch rasy pbz użytkowanych w stadzie w Olszanicy w latach 1992-1998 wykazała, że liczba prosiąt w miocie odchowanych do wieku 21 dni wynosiła średnio 8,71 [60]. Wartość ta jest niższa od podawanej przez Instytut Zootechniki – średnia liczebność miotu w 21. dniu życia w roku 2004 wynosiła 10,99 prosięcia [117].

Kolejną cechą dotyczącą użytkowości rozplodowej loch jest ich wiek pierwszego oproszenia. W badanej grupie loch stwierdzono, że lochy rasy pbz były młodsze w chwili pierwszego oproszenia (ponad 343dni) w porównaniu z lochami rasy wbp (ponad 352 dni). Średnie wartości tej cechy w badanych grupach loch rasy pbz i wbp nie odbiegały od podawanych w literaturze.

Lechowska [90] twierdzi, że największy potencjał rozrodczy wykazują lochy rasy pbz, które wydały pierwszy miot przed ukończeniem 365 dni życia, natomiast lochy rasy wbp w przedziale wiekowym od 396 do 425 dni. W latach 1998-2004 średni wiek pierwszego oproszenia, podawany przez Instytut Zootechniki w Krakowie, w odniesieniu do loch zarodowych rasy wbp wynosił od 352 do 360 dni, a dla loch rasy pbz 341-348 dni [111-117]. Z kolei odnotowano, że wiek w dniu pierwszego oproszenia loch rasy wbp na terenie działania bydgoskiej jednostki Krajowego Centrum Hodowli Zwierząt w latach 2000-2003 wynosił od 347,08 do 360,23 dni. Lochy rasy pbz w tym samym okresie charakteryzowały się wiekiem pierwszego oproszenia od 347,74 do 355,83 dni [114-116].

Kolejną cechą dotyczącą rozrodu jest długość cykli rozplodowych. W badanej grupie loch zdecydowanie dłuższe okresy międzymiotu obserwowano u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. Najdłuższy cykl rozplodowy wystąpił u loch rasy pbz pomiędzy trzecim a czwartym miotem (184 dni), a najkrótszy pomiędzy piątym a szóstym miotem (około 173 dni), natomiast u loch rasy wbp najdłuższy między pierwszym a drugim miotem (nieco ponad 172 dni) i najkrótszy pomiędzy czwartym a piątym miotem (około 163 dni).

Obserwowana długość cykli rozplodowych nie odbiega od wartości tej cechy podawanej w literaturze, gdyż stwierdzono, że okres międzymiotu w stadach objętych kontrolą użytkowości wynosi od 170 do 200 dni [44]. Lechowska [91] stwierdziła, że długość międzymiotu u loch rasy pbz kształtowała się na poziomie 203,55 dni. W latach 1998-2004 średni okres międzymiotu u loch rasy wbp wynosił od 178 do 186 dni, a u loch rasy pbz od 177 do 185 dni. Są to wyniki podawane przez Instytut Zootechniki w Krakowie w odniesieniu do zwierząt zarodowych [111-117]. Należy zwrócić uwagę, że na przestrzeni ostatnich 15 lat zaobserwowano skrócenie cyklu rozplodowego u loch rasy wbp z 207,02 dni w 1990 roku [92] do 178 dni w roku 2004 [117]. Lochy rasy wbp znajdujące się na terenie działania bydgoskiego oddziału Krajowego Centrum Hodowli Zwierząt w latach 2000-2003 charakteryzowały się okresem międzymiotu długości 187,1-179 dni, natomiast lochy rasy pbz 185,7-180,1 dni [114-116].

Wyniki użytkowości rozplodowej osiągnęte w populacji aktywnej trzody chlewnej na Lubelszczyźnie w latach 2000-2002 były porównywalne z wynikami uzyskiwanymi przez populacje loch zarodowych kontrolowanych w Polsce [150]. Także w regionie lubawsko-ostrońskim stwierdzono, że lochy rasy wbp pochodzące z gospodarstw zarodowych nie odbiegały pod względem wartości cech rozrodczych od loch z innych rejonów hodowlanych w kraju [54].

Uważa się, że wzrost wartości cech rozplodowych loch w ostatnich latach wynika z poprawy genotypu zwierząt, wyższego poziomu żywienia i profilaktyki, a także zmian strukturalnych i uwarunkowań rynkowych hodowli [93].

4.2. Polimorfizm genu *RYRI* a cechy rozrodcze svin

W badanej grupie loch ras pbz i wbp obserwowano dwa genotypy *RYRI*, a mianowicie homozygoty *CC* i heterozygoty *CT*. Nie obserwowano homozygot *TT*. Częstość występowania poszczególnych genotypów była różna w obu rasach. Wśród badanej grupy loch rasy pbz genotyp homozygoty *CC* pojawił się z częstością 0,575, a heterozygoty *CT* z częstością 0,425. Stąd frekwencja allelu *C* wynosiła 0,7875, a *T* 0,2125. W grupie loch rasy wbp zdecydowaną większość stanowiły lochy o genotypie *CC*, których frekwencja wyniosła 0,9306. Częstość heterozygot wynosiła tylko 0,0694. W związku z tym frekwencja allelu *C* wynosiła 0,9653, a allelu *T* 0,0347.

Wielu autorów [7, 9, 48, 58, 101, 118, 151, 177] zajmując się analizą struktury genetycznej populacji podkreśla, że częstość występowania mutacji *C*→*T* w genie *RYRI* kształtuje się bardzo różnie w zależności od rasy, a także stada.

Żurkowski i wsp. [177] określili występowanie wariantów *RYRI* w populacji svin rasy wbp z częstością allelu *C* 0,78 a *T* 0,22. U svin rasy Landrace zaobserwowano natomiast występowanie genotypu *CC* z częstością 71,3%, *CT* 27,3%, *TT* 1,4%, co daje frekwencję allelu *C* 0,849, a allelu *T* 0,151 [48].

Matoušek i wsp. [101] badali występowanie polimorfizmu *RYRI* w dwóch stadach loch rasy wielkiej białej. W obu stadach nie stwierdzono obecności homozygot *TT*, natomiast przeważały homozygoty *CC* 94,94% (stado A) i 90,97% (stado B). Frekwencja allelu *C* wynosiła odpowiednio 0,975 i 0,954, a allelu *T* 0,025 oraz 0,045.

Z kolei Bečková i wsp. [7] badając lochy Landrace w Republice Czeskiej stwierdzili częstość występowania genotypów *NN* 97,9%, *Nn* 2,1%. U Landrace norweskiego frekwencja genotypu *NN* wynosiła 95,6%, a genotypu *Nn* 4,4%.

Bogdzińska [9] badając lochy rasy wbp stwierdziła, że częstość występowania allelu *N* wynosi 0,92, a allelu *n* 0,08. Wśród loch rasy pbz częstość allelu *N* wynosiła 0,75, a allelu *n* 0,25.

Stalder i wsp. [151] w grupie loch rasy Landrace utrzymywanych w 9 stadach stwierdzili, że w poszczególnych stadach frekwencja allelu *n* wahała się od 0,07 do 0,28. U loch rasy wielkiej białej obserwowano następujące genotypy z częstością *NN* – 0,76, *Nn* – 0,14 i *nn* – 0,10, co dawało frekwencję allelu *N* wynoszącą 0,83 i allelu *n* 0,17 [118].

Analizowano także frekwencję genotypów i genów w grupie knurów użytkowanych w stacjach inseminacyjnych. Wśród rasy pbz obserwowano knury o genotypie *NN*, *Nn* oraz *nn*. Frekwencja genów wyniosła 0,89 *N* i 0,11 *n*. Knury rasy wbp miały tylko genotypy *NN* i *Nn*, co wpłynęło na niską frekwencję allelu *n* wynoszącą 0,02 i wysoką allelu *N* 0,98 [58].

Opublikowane dotychczas wyniki prac dotyczących wpływu genotypu w locus *RYRI* na cechy rozrodcze svin nie są jednoznaczne. Stwierdzono, że w przypadku rasy wielka biała polska i polska biała zwisłoucha mutacja *C*→*T* w genie *RYRI* 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 [154].

W badanej grupie loch rasy pbz o genotypie *CT* w pierwszym miocie stwierdzono nieznacznie więcej urodzonych prosiąt w porównaniu z lochami o genotypie *CC* – odpowiednio 11,29 i 11,16, jednakże lochy o genotypie *CT* odchowwały mniej potomstwa do wieku 21 dni (10,60) w porównaniu z 10,72 prosiąt odchowanych przez matki o genotypie *CC*. Z kolei lochy rasy wbp o genotypie *CC* rodziły więcej prosiąt w pierwszym miocie niż lochy o genotypie *CT*. Obserwowane różnice w liczbie urodzonych i odchowanych prosiąt w pierwszym miocie przez lochy o genotypach *CC* i *CT* w obrębie ras pbz i wbp okazały się nieistotne statystycznie. Analizując średnią z czterech kolejnych miotów stwierdzono najliczniejsze mioty u loch rasy wbp o genotypie *CC* zarówno pod względem urodzonych prosiąt (12,06), jak i odchowanych (11,16). Najmniej liczne mioty zanotowano w grupie loch rasy pbz o genotypie *CC* pod względem urodzonych prosiąt (11,73), a o genotypie *CT* w odniesieniu do średniej liczby odchowanych prosiąt (10,94). Z kolei łącznie w sześciu miotach najwięcej prosiąt otrzymano od loch rasy wbp o genotypie *CT* (76,03 prosiąt). Najmniej liczne potomstwo w sześciu miotach otrzymano od loch rasy pbz o genotypie *CC* (70,62 prosiąt).

Analizując liczbę prosiąt odchowanych do 21. dnia życia nie stwierdzono istotnych różnic pod względem tej cechy między lochami o różnych genotypach w obrębie ras. Najwięcej prosiąt odchowwały lochy rasy wbp o genotypie *CT* (67,55 prosiąt), a najmniej o genotypie *CC* tej samej rasy (66,22 prosiąt).

W badanej grupie loch najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy rasy wbp o genotypie *CT* (około 332 dni), a najstarsze również lochy rasy wbp o genotypie *CC* (354 dni). Natomiast wśród loch rasy pbz stwierdzono zbliżony wiek pierwszego oproszenia, który wynosił dla loch o genotypie *CC* 343 dni, a dla loch o genotypie *CT* ponad 343 dni. Obserwowane różnice w wieku pierwszego oproszenia okazały się nieistotne statystycznie. Średni okres międzymiotu od 1 do 6 miotu okazał się mniej zróżnicowany pomiędzy lochami ras pbz i wbp. Wśród loch rasy pbz o genotypach *CC* i *CT* obserwowano zbliżoną średnią długość trwania cykli rozplodowych wynoszącą odpowiednio ponad 185 i 187 dni. Lochy rasy wbp o genotypach *CC* i *CT* charakteryzowały się większym zróżnicowaniem pod względem średniego okresu międzymiotu, gdyż wynosił on odpowiednio ponad 168 i 176 dni. Analizując średni okres międzymiotu stwierdzono, że lochy o genotypie *CC* wykazywały krótszy cykl rozplodowy niż lochy o genotypie *CT* wśród osobników ras pbz i wbp.

W badaniach dotyczących wrażliwości świń na stres wielu autorów podkreśla jego niekorzystny wpływ ze względów hodowlanych – wyższe upadki zwierząt podatnych na stres oraz wady technologiczne mięsa. Zagadnienia te były szeroko omawiane w wielu krajach. W mniejszym zakresie przebadano wpływ czynników stresowych na reprodukcję. Stwierdzono, że mioty matek wrażliwych na stres były o 1,16 prosiąt mniejsze w dniu urodzenia niż mioty matek niewrażliwych. W wieku 7 tygodni różnica ta wynosiła 1,76 prosiąt na korzyść miotów matek odpornych na stres. Było to wynikiem nie tylko mniejszej liczby urodzonych prosiąt w miotach matek podatnych na stres, lecz także ich większej śmiertelności.

Niekorzystne oddziaływanie czynników stresowych na cechy użytkowości rozplodowej szczególnie uwidacznia się u zwierząt obciążonych genem wrażliwości na stres, a więc zwierząt z defektem membranowym. Stwierdzono, że efekt mutacji C→T genu *RYRI* przejawia się w cechach takich, jak: wielkość i masa urodzonego miotu, wskaźnik odchowu prosiąt, wiek i masa loszek w momencie wystąpienia pierwszej rui. Uzyskane dane wskazują na niekorzystny wpływ tej mutacji na wartość cech reprodukcyjnych.

Kmieć i wsp. [61] przeprowadzili badania w stadzie zarodowym świń rasy polskiej białej zwisłouchej nad zależnością między polimorfizmem w genie receptora rianodiny (*RYRI*) a wybranymi cechami użytkowości rozplodowej (liczba sutek u loch, liczba urodzonych prosiąt w I, II i III miocie, wiek oproszenia). Przeprowadzona analiza zależności między genotypami a badanymi cechami użytkowości rozplodowej badanego stada świń zarodowych w trzech kolejnych miotach wykazała małe i nieistotne różnice między lochami z genotypami *RYRI NN* i *Nn*.

Matoušek i wsp. [101] badali wpływ genu *RYRI* na wyniki reprodukcyjne w dwóch stadach loch rasy wielkiej białej. Mimo zbliżonej frekwencji genotypów w obu stadach, w stadzie A stwierdzono w pierwszym miocie ogólną liczbę urodzonych prosiąt istotnie wyższą u heterozygot *CT* w porównaniu z homozygotami *CC*. W stadzie B natomiast takiej zależności nie zaobserwowano. Ogólna liczba urodzonych prosiąt w miotach od 1 do 6 okazała się także istotnie statystycznie wyższa u heterozygot tylko u loch ze stada A. Obserwowane różnice w pozostałych cechach (liczba żywo urodzonych, liczba odsadzonych prosiąt) w obu stadach okazały się nieistotne statystycznie.

Bogdzińska [9] badając lochy rasy wbp stwierdziła, że lochy o genotypie *NN* były starsze w chwili pierwszego oproszenia, a ich pierwszy miot był liczniejszy niż u loch o genotypie *Nn*. W drugim miocie obserwowano zbliżone liczebności prosiąt. Natomiast wśród loch rasy pbz wartości średnie cech dotyczących rozrodu w obu grupach genotypowych (*NN* i *Nn*) były zbliżone. W obu rasach pod względem analizowanych cech użytkowości rozplodowej stwierdzono małe i nieistotne różnice między lochami o genotypach *NN* i *Nn*.

Stalder i wsp. [151] poszukując wpływu genotypu lochy na liczbę żywo urodzonych prosiąt, liczbę odsadzonych prosiąt w wieku 21 dni, masę ciała prosiąt w wieku 21 dni stwierdzili brak istotnych różnic w wartościach tych cech między lochami o genotypach *NN* i *Nn* w grupie loch rasy Landrace utrzymywanych w 9 stadach.

W grupie loch rasy wielkiej białej obserwowano liczebność pierwszego miotu średnio 10,21 prosięcia dla loch o genotypie *NN*, 9,62 prosięcia o genotypie *Nn* i 7,11 prosięcia o genotypie *nn*. Z kolei liczba odsadzonych prosiąt wynosiła odpowiednio 9,21, 8,13 i 7,11. Na tej podstawie autorzy [118] wysunęli tezę, że allel *n* wpływa na liczbę urodzonych i odsadzonych prosiąt. Tym samym wywiera on negatywny wpływ na cechy rozrodcze świń i wzrost prosiąt.

Babicz i wsp. [5] przeprowadzili badania w kierunku ustalenia zależności pomiędzy genotypami genu *RYRI* a wartościami wskaźników rozrodczych loch rasy puławskiej. Na podstawie uzyskanych wyników nie potwierdzono jednoznacznie negatywnego oddziaływania allelu *RYRI^T* na poziom cech rozrodczych loch badanej rasy.

Niekorzystne oddziaływanie mutacji C→T w genie *RYRI* na cechy produkcyjne stwarza konieczność prowadzenia kontroli genetycznej i eliminacji osobników obciążonych tą mutacją z populacji przeznaczonych na materiał zarodowy. Przyczyni się to niewątpliwie do poprawienia ostatecznego efektu ekonomicznego prowadzonej hodowli.

4.3. Polimorfizm genu *ESR* a cechy rozrodcze świń

W badanych grupach loch ras pbz i wbp stwierdzono występowanie trzech genotypów: *AA*, *AB* i *BB* – *ESR/PvuII*. Najczęściej w obu rasach obserwowano genotyp heterozygotyczny *AB* – w rasie pbz 0,5688, a w rasie wbp 0,5087. Wśród loch rasy pbz kolejnym pod względem frekwencji okazał się genotyp *BB* (0,2625), natomiast wśród

loch rasy wbp genotyp AA (0,4104). Genotypy o najmniejszej częstości to AA w rasie pbz (0,1688) i BB w rasie wbp (0,0809). W grupie loch rasy pbz frekwencja genu A wynosiła 0,4532 i genu B 0,5469, a rasy wbp odpowiednio 0,6648 i 0,3352.

Problemem częstości występowania w populacji genotypów i alleli $ESR/PvuII$ zajmowało się wielu autorów [7, 10, 28, 49, 51, 52, 78, 81, 96, 98-101, 106-109, 136, 174].

Isler i wsp. [51] stwierdzili w badanej populacji świń rasy wielkiej białej frekwencję genotypów $ESR/PvuII$ AA – 0,27; AB – 0,65; BB – 0,08 oraz frekwencję allelu A wynoszącą 0,60 a allelu B 0,40. Ci sami autorzy w innej mniej licznej populacji stwierdzili frekwencję allelu A wynoszącą 0,53, a allelu B 0,47 przy frekwencji genotypów: AA – 0,36, AB – 0,57 i BB – 0,07 [52]. Identyczną częstość genów wśród loch rasy wielkiej białej stwierdził zespół badaczy chińskich [174] podając, że frekwencja allelu A $ESR/PvuII$ wynosiła 0,5294 i B 0,4706. Także Legault i wsp. [96] u loch rasy wielkiej białej francuskiej stwierdzili frekwencję allelu B wynoszącą 0,49.

Z kolei Bogdzińska [10] wśród loch rasy wbp obserwowała częstość allelu A $ESR/PvuII$ 72,45% i B $ESR/PvuII$ 27,55%. Natomiast odwrotną sytuację stwierdzili Napierała i wsp. [106] podając, że częstość allelu A ($ESR/PvuII$) w stadzie loch rasy wbp wynosiła 0,2879 i B – 0,7121.

Matoušek i wsp. [100, 101] stwierdzili częstość genu C $ESR/PvuII$ u loch rasy wielkiej białej na poziomie 0,653 (stado A) i 0,726 (stado B). W stadzie A częstość genotypów wynosiła CC – 39,42%, CD – 51,82% i DD – 8,76%, natomiast w stadzie B odpowiednio 53,66, 37,80 i 8,54%. Także Humpoliček i wsp. [49] stwierdzili, że w rasie wielkiej białej najczęściej występuje genotyp $ESR/PvuII$ CD o częstości od 0,35 do 0,50.

W badaniach Natołocznej-Kotary i Jaska [107] stwierdzono występowanie dwóch genotypów genu $ESR/PvuII$ w rasie pbz (AA = 90,6% i AB = 9,4%) oraz trzech (AA = 33,3%, AB = 53,35% i BB = 13,35%) w rasie wbp.

Santana i wsp. [136] analizując częstość występowania genotypów locus $ESR/PvuII$ stwierdzili w rasie Landrace przewagę genotypu AA , natomiast w rasie wielka biała udział genotypów AA i AB kształtował się na tym samym poziomie. W obu rasach obserwowano niewielki udział genotypu BB . Z kolei Noguera i wsp. [109] stwierdzili polimorfizm $ESR/PvuII$ u rasy Landrace obserwując dwa genotypy AA i AB .

Bečková i wsp. [7] stwierdzili częstość występowania genotypów u świń rasy landrace CC 85,4%, CD 14,3% i DD 0,3% – $ESR/PvuII$, a u świń rasy landrace norweski tylko genotyp CC w 100%. Natomiast w stadzie loch rasy pbz zidentyfikowano dwa genotypy $ESR/PvuII$, które oznaczono jako CC (84,3%) i CD (15,7%) [110]. Inny zespół autorów [81] stwierdził frekwencję genotypów $ESR/PvuII$ w stadzie loch rasy pbz na poziomie AA – 0,17, AB – 0,23 oraz BB – 0,60.

Linville i wsp. [98] również poszukiwali genów głównych wpływających na cechy rozrodcze świń uwzględniając wśród genów kandydatów także $ESR/PvuII$. W badanej populacji świń stwierdzili obecność dwóch form allelomorficznych z częstością allelu A 0,98, a allelu B 0,02. Wśród świń jednej linii obserwowano osobniki o genotypach AA , AB i BB . W pozostałych dwóch liniach występowały osobniki tylko o genotypie AA . Badane linie świń należały do mieszańców rasy landrace i wielkiej białej.

W stadzie loch (mieszańce F_1 złotnicka pstra x pbz) stwierdzono częstość alleli $ESR/PvuII$ 71,8% (allel A) i 28,2% (allel B) [78].

Drögemüller i wsp. [28] badali wpływ polimorfizmu genu $ESR/PvuII$ na cechy rozrodcze knurów i loch ras niemiecki landrace i duroc oraz linii syntetycznej duroc x wielka biała. Stwierdzono, że tylko w linii syntetycznej występował allel B z częstością

0,1 przy braku homozygot *BB*. Pozostałe zwierzęta ras niemiecki landrace i duroc miały genotypy *AA*.

Kolejnym identyfikowanym w badaniach własnych jest polimorfizm *ESR/AvaI*. W badanej grupie loch ras pbz i wbp stwierdzono występowanie trzech genotypów: *WW*, *MW* i *MM*. W grupie loch ras pbz i wbp zdecydowanie najczęściej występował genotyp *MW*, którego frekwencja wynosiła odpowiednio 0,7438 i 0,5029. Obliczona frekwencja genów okazała się identyczna w obu badanych grupach rasowych loch i wynosiła dla allelu *W* 0,5406 a allelu *M* 0,4594.

Kamiński i wsp. [57] określając frekwencję genów *ESR/AvaI* wśród knurów rasy pbz stwierdzili, że obserwowana frekwencja genów wśród tej badanej grupy wynosiła dla genu *W* 0,88 i *M* 0,12. Wśród knurów rasy wbp frekwencja genów wynosiła *W* 0,53 i *M* 0,47. Ten sam zespół autorów [56] stwierdził u świń rasy wbp występowanie trzech genotypów z częstością *WW* 40%, *WM* 32% oraz *MM* 28%, natomiast u rasy pbz dwóch genotypów: *WW* 69,1% i *WM* 30,9%.

W badaniach własnych obserwowano trzy genotypy *ESR/MspA1I* zarówno w grupie loch rasy pbz, jak i wbp – *AA*, *AB* i *BB*. Genotyp *AA* występował z częstością 0,6875 wśród loch rasy pbz, natomiast wśród loch rasy wbp 0,5145. W obu badanych grupach loch sporadycznie obserwowano występowanie genotypu *BB*. Frekwencja allelu *A* w grupie loch rasy pbz wynosiła 0,8375, w grupie loch rasy wbp 0,7428.

Wang i wsp. [170] określając polimorfizm w *ESR/MspA1I* stwierdzili występowanie trzech genotypów o różnej frekwencji. Wśród loch rasy Landrace zdecydowanie najczęściej występował genotyp *AA*, a u wielkiej białej genotyp *AB*. W obu rasach najmniej loch obserwowano o genotypie *BB*.

Frekwencja alleli odpowiedzialnych za większą liczbę urodzonych prosiąt w miocie w większości stad jest niska, co oznacza, że w stadzie mogą te allele w ogóle nie występować. Zatem oznaczenie frekwencji alleli wpływających na liczbę prosiąt w miocie może pomóc w prowadzeniu selekcji na tę cechę. W stadach zarodowych można włączyć oznaczanie tych genów i wykorzystać w pracy hodowlanej nad doskonaleniem cech rozrodczych [110]. Należy podkreślić, że polimorfizm w *ESR* zostaje zachowany w kolejnych pokoleniach, co dowiedziono na podstawie badań kolejnych populacji mieszańców [11].

Opublikowane dotychczas wyniki badań wskazują, że genem kandydującym do roli genu głównego lub z nim związanym, odpowiedzialnym za liczbę żywo urodzonych prosiąt jest *ESR*.

W badaniach własnych określono wpływ polimorfizmu *ESR/PvuII* na cechy reprodukcyjne loch ras pbz i wbp. Średnio w sześciu miotach najwięcej prosiąt urodziły i odchowały do 21. dnia życia lochy rasy pbz o genotypie *AA* (odpowiednio 12,03 i 11,49 prosiąt) i *BB* rasy wbp (odpowiednio 12,84 i 11,28 prosiąt) w stosunku do loch o pozostałych genotypach w obrębie każdej rasy. Biorąc pod uwagę łączną liczbę żywo urodzonych prosiąt przez lochy o trzech genotypach *AA*, *AB* i *BB* stwierdzono, że lochy rasy pbz rodziły mniej prosiąt w porównaniu z lochami o tych samych genotypach rasy wbp. Wśród loch rasy pbz najwięcej łącznie w sześciu miotach (72,15 prosiąt) urodziły lochy o genotypie *AA* i one również najwięcej (68,95 prosiąt) odchowały prosiąt do 21. dnia życia. Najwięcej (77,00 prosiąt) łącznie w sześciu miotach urodziły lochy rasy wbp o genotypie *BB*, lecz odchowały do wieku 21 dni tylko 67,70 prosiąt. W grupie loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AB* (ponad 337 dni), a najstarsze o genotypie *BB* (ponad 357 dni). Wśród badanych loch rasy wbp

również najstarsze były lochy o genotypie *BB* (ponad 366 dni), a najmłodsze o genotypie *AA* (346 dni) w chwili pierwszego oproszenia.

Analizując okresy międzymiotów od pierwszego do szóstego oproszenia stwierdzono, że lochy rasy pbz wykazywały się znacznie dłuższymi cyklami rozplodowymi w porównaniu z lochami rasy wbp. Różnice w długości trwania tych okresów malały wraz z kolejnymi porodami. Spostrzeżenia te dotyczą wszystkich analizowanych grup genotypowych loch. Średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia był najdłuższy u loch ras pbz i wbp o genotypie *AA*, natomiast najkrótszy u loch o genotypie *AB* rasy pbz i *BB* rasy wbp. Lochy o genotypie *AA* wykazywały dłuższy okres międzymiotu niż lochy o genotypach *AB* i *BB* zarówno wśród osobników rasy pbz, jak i wbp.

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 [132]. Polimorfizm genu receptora estrogenowego (*ESR/PvuII*) może być rozważany jako gen główny dla liczebności miotu. Analiza porównawcza między genotypami *AA* a *AB* wykazała istotne różnice w długości ciąży i w masie miotu na korzyść loch o genotypie *AA* [86].

Goliasova i Wolf [37, 38] badając polimorfizm *ESR/PvuII* u świń rasy wielkiej białej czeskiej stwierdzili przewagę loch o genotypie *AA* pod względem cech rozrodczych w stosunku do loch o genotypie *BB*. Lochy o genotypie *AB* natomiast wykazywały wartości pośrednie pod względem liczby prosiąt żywo urodzonych, liczby prosiąt urodzonych oraz liczby prosiąt odsadzonych. Podobne zależności obserwowali Horogh i wsp. [47] w stadzie loch rasy węgierskiej białej.

Isler i wsp. [51] analizując grupę świń rasy wielkiej białej stwierdzili, że polimorfizm *ESR/PvuII* ma wpływ na liczbę żywo urodzonych i odsadzonych prosiąt, która kształtowała się u loch o genotypie *BB* – 8,61, *AB* – 8,21 oraz *AA* – 8,12 prosiąt. Legault i wsp. [96] u loch rasy wielkiej białej francuskiej zaobserwowali także dodatni wpływ genotypu *BB* *ESR/PvuII* na liczbę urodzonych prosiąt i liczbę prosiąt żywo urodzonych. Wpływ genotypów *ESR/PvuII* na liczebność miotu u loch rasy wielkiej białej można przedstawić: $AA < AB < BB$ [174].

Bogdzińska [10] analizując wpływ genotypu *ESR/PvuII* na wiek pierwszego oproszenia w grupie loch rasy wbp stwierdziła, że lochy o genotypie *AA* prosiły się średnio po raz pierwszy w wieku 335,68 dni, a o genotypie *AB* – 333,11 dni. Jednocześnie zaobserwowała nieco mniej liczne mioty (w 21 dniu) u loch o genotypie *AB* (8,89 w pierwszym miocie i 10,63 w drugim miocie) w porównaniu z lochami o genotypie *AA* (odpowiednio 10,23 i 11,27).

Z badań Natołocznej-Kotary i Jaska [107] wynika, że polimorfizm w genie receptora estrogenowego (*ESR/PvuII*) związany jest z liczbą prosiąt w miotach świń. W badaniach przeanalizowano dane dotyczące loch rasy wbp oraz rasy pbz. Odnotowano pewne różnice dla wielkości miotu zarówno pomiędzy obu rasami, jak i genotypami.

Santana i wsp. [136] analizując liczebności miotów w rasie Landrace i wielka biała odnotowali istotne różnice między genotypami *AA* a *AB* u loch obu ras. Bardzo podobne obserwacje poczynił także Alfonso [1] pod względem zależności pomiędzy genotypem w locus *ESR/PvuII* a liczbą urodzonych prosiąt w miocie. Noguera i wsp. [109] stwierdzili polimorfizm genu *ESR/PvuII* u rasy Landrace obserwując dwa genotypy *AA* i *AB*. Wykazali oni związek pomiędzy genotypem matki a liczbą urodzonych prosiąt i liczbą żywo urodzonych prosiąt w pierwszym i drugim miocie. Na tej podstawie zaliczyli gen *ESR/PvuII* do genów głównych wpływających na cechy rozrodcze świń.

Matoušek i wsp. [100, 101] stwierdzili, że zwierzęta z heterozygotycznym genotypem *CD ESR/PvuII* uzyskały lepsze wyniki rozrodu w stosunku do homozygotycznych *CC*. Najlepsze pod względem analizowanych cech (ogólna liczba urodzonych, liczba żywo urodzonych, liczba odsadzonych prosiąt) okazały się lochy o genotypie *DD*. Bečková i wsp. [7] stwierdzili pozytywne zależności między obecnością allelu *D* a liczebnością miotu. W stadzie loch rasy pbz lochy o genotypie *CD* rodziły średnio w pierwszym miocie o 0,8 prosięcia mniej niż lochy o genotypie *CC*. Widocznych różnic nie potwierdzono statystycznie [108].

Napierała i wsp. [106] zaobserwowali w stadzie loch rasy wbp, że lochy o genotypie *AA ESR/PvuII* odchowały najwięcej prosiąt w czwartym miocie. Stwierdzono niewielką zależność pomiędzy genotypem *ESR/PvuII* a liczbą prosiąt w kolejnych oproszeniach [81]. Również Linville i wsp. [98] poszukiwali genów głównych wpływających na cechy rozrodcze świń uwzględniając wśród genów kandydatów także *ESR/PvuII*. Rothschild i wsp. [131] oraz Rohrer i wsp. [130] zaliczyli *ESR/PvuII* do genów głównych wpływających na liczbę urodzonych prosiąt w pierwszym miocie oraz w pozostałych stwierdzając istotne różnice na korzyść genotypu *BB* zarówno u rasy wielkiej białej jak i Meishan. Short i wsp. [137] wskazali przewagę loch o genotypie *BB* pod względem ilości urodzonych prosiąt.

Z kolei w stadzie loch (mieszaniec F_1 złotnicka pstra x pbz) zanotowano istotną zależność między długością ciąży a genotypem *ESR/PvuII*. Po uwzględnieniu regresji na liczebność miotu istotne różnice między genotypem *AA* a *AB* stwierdzono w odniesieniu do długości ciąży i masy miotu [78]. Rens i wsp. [127] w populacji loch mieszańców pochodzących z krzyżowania ras wielkiej białej z Meishan obserwowali liczebność miotu określając liczbę urodzonych i liczbę żywo urodzonych prosiąt. Stwierdzili przewagę loch o genotypie *AB* pod względem obu analizowanych cech nad lochami o genotypach *AA* i *BB*.

Gibson i wsp. [36] określali przewagę loch o genotypach *AA* i *AB* nad lochami o genotypach *BB* pod względem wieku pierwszego oproszenia, liczby urodzonych i liczby żywo urodzonych prosiąt w dwu kolejnych miotach w stadzie loch mieszańców F_2 pochodzących z krzyżowania Meishan x Large White. Lochy o genotypie *AB* uzyskały lepsze wyniki pod względem wymienionych wyżej cech dotyczących rozrodu w porównaniu z lochami o genotypie *BB*. Natomiast lochy o genotypie *AA* okazały się tylko lepsze pod względem liczby urodzonych i liczby żywo urodzonych prosiąt w pierwszym miocie, pozostałe cechy wykazywały gorszy poziom.

Munoz i wsp. [105] stwierdzili powiązanie pomiędzy genotypem *ESR/PvuII* a liczebnością miotu u świń iberyjskich. Pozytywny wpływ genotypu *BB* na cechy rozrodcze stwierdzono także w innych rasach jak yorkshire, hampshire oraz ich mieszańców z rasą wielką białą [50, 53].

4.4. Polimorfizm genu *CYP21* a cechy rozrodcze świń

W badanej grupie loch stwierdzono występowanie trzech genotypów *CYP21/NciI*: *AA*, *AB* i *BB* o zbliżonej częstości u obu ras. Udział genotypów heterozygotycznych *AB* wynosił wśród loch rasy pbz 0,4724 i wbp 0,4898. Frekwencja genów w obu badanych grupach rasowych była także zbliżona.

U loch rasy wielkiej białej stwierdzono większą frekwencję genotypu heterozygotycznego, a mianowicie $CYP21^A CYP21^B$ 0,527. Pozostałe dwa genotypy występowały z częstotliwością $CYP21^B CYP21^B$ 0,440 oraz $CYP21^A CYP21^A$ 0,033 [72].

Po cięciu enzymem restrykcyjnym *Hae*III stwierdzono w badanej grupie występowanie trzech genotypów: *AA*, *AB* i *BB* wśród loch rasy pbz i wbp. W grupie loch rasy pbz najczęściej obserwowanym genotypem był genotyp *BB* o frekwencji 0,5276, a w grupie loch rasy wbp genotyp *AB*, którego frekwencja wynosiła 0,6599. W obu badanych grupach rasowych loch stwierdzono wyższą frekwencję allelu *B* w porównaniu z frekwencją allelu *A*.

W badaniach własnych stwierdzono, że lochy o genotypie *AA* ($CYP21/Hae$ III) wykazywały wyższe wartości cech (średnie liczby prosiąt żywo urodzonych od pierwszego do czwartego miotu, od pierwszego do piątego oraz od pierwszego do szóstego miotu) w porównaniu z lochami o pozostałych dwóch genotypach w obrębie rasy pbz, natomiast niższe wartości tych cech wykazywały lochy o genotypie *AB*. Analogiczne spostrzeżenie dotyczy także zależności między grupami genotypowymi loch rasy pbz, w odniesieniu do średniej liczby odchowanych przez nie prosiąt do 21. dnia życia.

W badanej grupie loch rasy wbp stwierdzono niższe wartości wymienionych wyżej cech u loch o genotypie *AB* w porównaniu z dwoma pozostałymi genotypami. Należy podkreślić, że lochy rasy wbp o genotypach *AA* i *BB* odchowały identyczną średnią liczbę prosiąt do 21. dnia życia uwzględniając mioty od pierwszego do piątego. Łączna liczba prosiąt żywo urodzonych i odchowanych do wieku 21 dni w sześciu miotach była wyższa u loch rasy pbz o genotypie *AA* oraz *BB* rasy wbp. Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA* (330 dni), a najstarsze o genotypie *BB* (352 dni). Przeciwną sytuację obserwowano w grupie loch rasy wbp, gdzie najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *BB* (ponad 337 dni), a najstarsze o genotypie *AA* (ponad 350 dni). Obserwowane różnice w długości cykli rozplodowych pomiędzy grupami loch o różnych genotypach w obrębie rasy pbz i wbp okazały się nieistotne statystycznie.

Kmieć i wsp. [65] analizując zależności między wariantami genetycznymi $CYP21/Hae$ III a cechami charakteryzującymi użytkowość rozrodczą loch rasy wielkiej białej polskiej (liczba prosiąt urodzonych żywych i martwych, liczba prosiąt odchowanych, odsetek upadków w okresie odchowu) stwierdzili szereg różnic pomiędzy lochami z różnymi genotypami $CYP21$. Z kolei analiza zależności między genotypami 21-hydroksylazy steroidowej (poddanej trawieniu endonukleazą *Hae*III) a cechami użytkowości rozplodowej stada loch rasy polskiej białej zwisłouchej wykazała małe różnice pomiędzy lochami z genotypami $CYP21^A CYP21^B$ i $CYP21^B CYP21^B$, jednakże istotnie większą liczbę sutek oraz istotnie większą liczbę prosiąt urodzonych w trzecim miocie u loch z genotypem $CYP21^B CYP21^B$ [66, 73].

W badaniach własnych poszukiwano także związku pomiędzy polimorfizmem $CYP21/Nci$ I a cechami reprodukcyjnymi loch. Średnia liczba prosiąt urodzonych w czterech, pięciu i sześciu miotach przez lochy rasy pbz o genotypach *AA*, *AB* i *BB* okazała się zbliżona. Lochy o genotypie *AA* odchowały do 21. dnia życia identyczną średnią liczbę prosiąt w miocie (11,13) uwzględniając oproszenia od pierwszego do piątego oraz od pierwszego do szóstego. Z kolei lochy o genotypach *AB* i *BB* odchowały do 21. dnia życia identyczną średnią liczbę prosiąt w miocie od pierwszego do piątego miotu (11,14) oraz od pierwszego do szóstego miotu (11,19). W grupie loch rasy wbp obserwowano również zbliżone wartości cech pod względem liczby urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia prosiąt w poszczególnych grupach genotypowych.

Lochy o genotypie *AA* były najmłodsze w czasie pierwszego oproszenia zarówno wśród badanej grupy loch rasy pbz (ponad 340 dni), jak i wbp (ponad 331 dni). Najstarsze okazały się lochy o genotypie *BB* należące do rasy pbz (około 360 dni) oraz *AB* rasy wbp (około 352 dni). Najdłuższe okresy międzymiotu odnotowano pomiędzy drugim a trzecim oproszeniem we wszystkich analizowanych grupach genotypowych w obu rasach oraz obserwowano skracanie się tego okresu między kolejnymi porodami. Najkrótsze okresy odnotowano pomiędzy piątym a szóstym oproszeniem u loch rasy pbz w trzech analizowanych genotypach, natomiast u loch rasy wbp o genotypach *AA* i *BB*. Lochy rasy wbp o genotypie *AB* miały najkrótszy okres międzymiotu pomiędzy czwartym a piątym oproszeniem.

Analiza zależności między genotypami *CYP21/NciI* u loch rasy wielkiej białej a cechami reprodukcyjnymi loch przeprowadzona przez Kmiecia i wsp. [68] wykazała istotne różnice pomiędzy lochami pod względem liczby martwo urodzonych w miocie i śmiertelności prosiąt w pierwszym miocie między zwierzętami z genotypami *CYP21^ACYP21^A* a *CYP21^BCYP21^B* na korzyść drugiego genotypu.

4.5. Polimorfizm genu *IGF1R* a cechy rozrodcze świń

Spśród trzech genotypów *IGF1R* zdecydowanie najczęściej w obu rasach obserwowano genotyp *AA*, którego częstość wśród loch rasy pbz wynosiła 0,7313, a rasy wbp 0,8671. W obu rasach odnotowano bardzo niewielki udział genotypu *BB*. Wśród loch rasy pbz obserwowano frekwencję allelu *A* wynoszącą 0,8470 i allelu *B* 0,1530. W badanej grupie loch rasy wbp częstość występowania alleli wynosiła *A* – 0,9249 i *B* – 0,075.

Wśród loch rasy pbz najmniej prosiąt, łącznie 68,15 w sześciu miotach urodziły lochy o genotypie *BB*, natomiast w rasie wbp lochy o genotypie *AB* (69,98 prosiąt). Jednakże analizując liczbę odchowanych do 21. dnia życia prosiąt okazało się, że lochy te odchowały najwięcej prosiąt w stosunku do urodzonych w swoich grupach rasowych.

Badane lochy ras pbz i wbp o genotypie *BB* były w czasie pierwszego oproszenia najmłodsze, a ich wiek wynosił odpowiednio ponad 335 i 323 dni. Należy podkreślić, że loch o tym genotypie w badanej grupie było niewiele (6 osobników rasy pbz i 3 osobniki rasy wbp). Najstarsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA* należące do rasy wbp (około 354 dni) oraz rasy pbz (prawie 345 dni). Loch o tym genotypie zarówno wśród rasy pbz, jak i wbp było zdecydowanie najwięcej. Analizując okresy międzyoproszeniowe od pierwszego do szóstego oproszenia stwierdzono, że lochy rasy pbz wykazywały się znacznie dłuższymi cyklami rozplodowymi w porównaniu z lochami rasy wbp. Różnice w długości trwania tych okresów malały wraz z kolejnymi porodami. Spostrzeżenia te dotyczą czterech (*AA* i *AB* rasy pbz oraz *AA* i *AB* rasy wbp) analizowanych grup genotypowych loch.

Ze względu na specyficzne działania *IGF1R* najczęściej badania dotyczą jego wpływu na cechy wzrostu i rozwoju, a także cechy mięsności i użytkowości rzeźnej [97, 102, 169]. Nieliczne prace dotyczą poznania wpływu polimorfizmu genu *IGF1R* na cechy rozrodcze zwierząt [6].

Badano polimorfizm genu *IGF1R* i genu *ESR* określając ich wpływ na liczbę prosiąt urodzonych ogółem, liczbę prosiąt urodzonych żywo, masę miotu przy urodzeniu, masę miotu w dniu odsadzenia, liczbę odsadzonych prosiąt, średnią masę prosięcia przy odsadzeniu i długość ciąży. Stwierdzono istotną zależność między genotypem *IGF1R*

(sekwencja mikrosatelitarna) a liczbą prosiąt urodzonych ogółem, liczbą prosiąt urodzonych żywo i długością ciąży. Zależności takiej nie stwierdzono natomiast między genotypem *ESR* a badanymi cechami reprodukcyjnymi [79].

4.6. Polimorfizm chromosomowy i struktury polimorficzne obserwowane w kariotypie świń i ich związek z cechami rozrodczymi

Badane lochy rasy pbz i wbp miały prawidłową liczbę chromosomów charakterystyczną dla gatunku i płci $2n = 38,XX$. Nie wykryto żadnych nieprawidłowości w kariotypach badanych loch. W szeregu pracach opisano prawidłowy kariotyp świni domowej [32, 45, 46, 155].

W badaniach własnych zaobserwowano zróżnicowanie wielkości powierzchni chromosomów autosomalnych i chromosomów płci w płytkach metafazowych. Lochy rasy pbz charakteryzowały się mniejszą średnią powierzchnią chromosomów w płycie metafazowej w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp. Zależność ta dotyczyła chromosomów płci i autosomów. Powierzchnia względna chromosomów płci i udział chromatyd chromosomów płci okazały się także mniejsze u loch rasy pbz w porównaniu z lochami rasy wbp. Analizując wielkość powierzchni chromosomów stwierdzono różnice osobnicze pod względem wielkości chromosomów autosomalnych i płci. Świadczy to o polimorfizmie chromosomowym badanych loch.

Polimorfizm długości względnej chromosomów płci oceniano u kilku gatunków zwierząt gospodarskich, w tym również u świń. Polimorfizm długości chromosomów oceniano głównie w chromosomach płciowych na podstawie ich długości względnej wyrażonej przez indeks centromerowy, czyli stosunek długości ramion krótkich do długich (q:p) lub procent długości zestawu haploidalnego autosomów i chromosomu płciowego X [84]. U kilku ras i linii syntetycznych świń hodowanych w Polsce obserwowano polimorfizm długości względnej chromosomu płci Y – najmniejszego i stosunkowo łatwego do identyfikacji chromosomu w kariotypie zwierząt. Stwierdzono, że polimorficzne warianty długości względnej chromosomu Y można uznać za charakterystyczne cechy poszczególnych ras świń. Wydaje się, że zaobserwowane różnice długości względnej chromosomu Y mają swoje źródło w zmiennej wielkości dużego bloku heterochromatynowego, który obejmuje ramię q tego chromosomu. Mierząc długość chromosomów, głównie płciowych, poszukiwano korelacji między wariantami polimorficznymi a określonymi wskaźnikami płodności [84, 85].

Nie stwierdzono jednoznacznie wpływu polimorfizmu wielkości chromosomów na cechy użytkowe zwierząt. Jednak badania potwierdziły tezę, że polimorfizm chromosomów może być wykorzystywany w poszukiwaniu markerów chromosomowych oraz mapowaniu genów [16, 19, 82]. Obserwacje polimorfizmu chromosomów przeprowadzone w populacjach obejmujących jedną rasę pozwalają na wykazanie różnic międzyosobniczych oraz ustalenie tendencji rasowej [85].

Strukturą polimorficzną obserwowaną w kariotypie świni domowej jest heterochromatyna konstytutywna zlokalizowana głównie w centromerach chromosomów par od 13 do 18. W badanej grupie loch zmierzone powierzchnie rejonów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych par od 13 do 17 okazały się większe u loch rasy wbp niż pbz. Względne powierzchnie tych rejonów w odniesieniu do powierzchni chromosomów kształtowały się odwrotnie, wykazywały większe wartości dla rasy pbz niż wbp. Pomiary względne heterochromatyny w stosunku do powierzchni

chromosomów wskazywały na coraz większy procentowy udział tych powierzchni w kolejnych malejących chromosomach świń obu ras. U loch należących do rasy pbz obserwowano większą zmienność powierzchni rejonów heterochromatyny centromerowej, jak i jej procentowego udziału w powierzchni danego chromosomu w porównaniu z lochami rasy wbp. Otrzymane wyniki wskazują na różnice rasowe świń w odniesieniu do powierzchni rejonów heterochromatyny centromerowej, co świadczy o polimorfizmie tych rejonów.

Oceną polimorfizmu wielkości bloków heterochromatyny centromerowej zajmowało się wielu badaczy [3, 4, 15, 83, 141, 143, 147, 152, 159].

Świtoński [159] i Sysa [152] analizując prążki C stwierdzili polimorfizm heterochromatyny centromerowej w chromosomach par 16, 17 i 18. Najbardziej widoczny polimorfizm w chromosomach akrocentrycznych od 13 do 18 pary w formie hetero- i homozygotycznej jest zjawiskiem stosunkowo częstym, a jego nosiciele mogą stanowić nawet 30-40% badanej populacji [15]. Badania Kozubskiej-Sobocińskiej i wsp. [83] wykazały polimorfizm heterochromatyny centromerowej w chromosomach par od 13 do 18 o różnym nasileniu w poszczególnych parach chromosomów. Wyniki otrzymane w powyższej pracy nie potwierdzają sugerowanej korelacji między polimorfizmem heterochromatyny centromerowej a płodnością świń.

Badania Słoty i wsp. [143] przeprowadzone na osobnikach rasy pbz i linii 990 wykazały występowanie polimorfizmu heterochromatyny centromerowej u rasy pbz w 56%, a w linii 990 w 30,4%. Polimorfizm ten obserwowano z różną częstością w chromosomach par od 13 do 18. Najczęściej polimorfizm obserwowano w parze 16 (frekwencja wynosiła 58,2%), a w parze 18 – 3%. Autorzy [141] badając obszar heterochromatyny centromerowej stwierdzili, że charakteryzował się on zmiennością wielkości prążków C oraz różnymi genotypami. Analizie poddano sposób dziedziczenia wielkości prążków C, stwierdzając, że rozkład genotypów był zgodny z oczekiwanym [141].

Świtoński i wsp. [162] przeprowadzili analizę cytogenetyczną świń rasy złotnickiej pstrej, stwierdzając występowanie polimorfizmu wielkości regionów heterochromatyny konstytutywnej (pary 13-18). Z kolei badania Słoty i wsp. [147] dotyczące względnej wielkości regionu heterochromatyny centromerowej pozwoliły stwierdzić, że obserwowana liczebność potomstwa o określonych genotypach nie różni się w sposób istotny od wartości oczekiwanych co sugeruje, że warianty polimorficzne dziedziczą się zgodnie z prawami Mendla. Oszacowano także częstość występowania polimorficznych form u świń ras pbz, duroc, pietrain, wbp oraz linii syntetycznych 990 i 890, a także stopień heterozygotyczności dla tych ras i linii. Stwierdzono, że największe zróżnicowanie pod względem polimorficznych regionów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych wystąpiło w rasie pbz.

Oceną polimorfizmu wielkości bloków heterochromatyny centromerowej u świń rasy puławskiej zajmowali się także Babicz i wsp. [3]. Stwierdzono polimorfizm w parach 13, 14, 15, 16, przy czym największy pod względem wielkości występował w parze 16. Nie zaobserwowano polimorficznych wariantów wielkości w centromerach autosomów par 17 i 18. Polimorficzne prążki C mogą być wykorzystane do charakterystyki rasy [3, 4].

Następnymi strukturami obserwowanymi w chromosomach świń są regiony jąderkotwórcze występujące w 8 i 10 parze. Wielkość obszarów Ag-NOR w obu badanych grupach loch rasy pbz i wbp okazała się większa w 10 parze chromosomów w porównaniu z parą 8. W parze 8 zaobserwowano zbliżoną wielkość obszarów jąderkotwórczych.

czych w obu badanych grupach rasowych loch. Większą zmienność obszarów Ag-NOR obserwowano u loch rasy wbp w porównaniu z lochami rasy pbz.

Problemem tym zajmowało się wielu autorów [13, 14, 22, 24, 104, 121, 141, 144, 158, 160, 162, 163].

Regiony Ag-NOR u świń identyfikowali Czaker i Mayr [13, 14], podkreślając ich różne wielkości oraz różną częstość występowania w parze 8 oraz 10.

Wyniki badań prowadzonych przez Mellink i wsp. [104] potwierdzają, że NOR w 10 parze chromosomów u świń daje konsekwentnie pozytywne wyniki reakcji ze srebrem, co może być wskaźnikiem dominującej roli chromosomów pary 10 w produkcji rRNA, natomiast 8 para chromosomów zawiera geny rRNA, ale ich aktywność jest niska lub zerowa u większości świń (u niektórych świń poziom aktywności NOR jednego lub dwóch chromosomów pary 8 jest wysoki podobnie jak NOR pary 10). Autorzy ci sugerują, że warianty wielkości NOR mogą być użyte jako markery chromosomowe do odróżnienia chromosomów homologicznych w parze pochodzących od ojca i od matki.

Regiony jąderkotwórcze, zwane prążkami Ag-NOR, charakteryzuje polimorfizm wielkości [141]. Polimorfizm ten spełnia warunki stawiane markerom genetycznym, gdyż zasadniczo występują dwa warianty wielkości: mały prążek „+” oraz duży prążek „++”. Obserwowano zróżnicowany stopień polimorfizmu w poszczególnych parach chromosomów zależnie od rasy świń [163].

Świtoński i wsp. [162] przeprowadzili analizę cytogenetyczną świń rasy złotnickiej pstrej. Wśród badanej populacji stwierdzono warianty Ag-NOR w parze 8 i 10 chromosomów.

Badania prowadzone na różnych gatunkach ssaków wykazały, że liczebność obszarów jąderkotwórczych oraz ich rozmieszczenie w chromosomach jest cechą charakterystyczną dla każdego gatunku. W jego obrębie występować może zmienność liczby wysrebrzających się obszarów NOR, która może zależeć od rasy. U świń najniższą liczbę obserwowano u ras: duńskiej, norweskiej i fińskiej; umiarkowaną u yorkshire i pietrain, a największą u Meishan. Przyjmuje się, że zróżnicowanie liczby ujawnionych NOR zależy od ich aktywności transkrypcyjnej, stąd nie wszystkie NOR mogą się ujawniać jednocześnie. U licznych zwierząt sygnały na 10 parze są silniejsze niż na 8 parze chromosomów [121].

Na podstawie mikroskopowej i komputerowej analizy obrazu sklasyfikowano cztery warianty wielkości sygnałów fluorescencyjnych, specyficznych dla rDNA oraz depozytów srebrowych w obszarach jąderkotwórczych. Do identyfikacji obszarów jąderkotwórczych wykorzystano fluorescencyjną hybrydyzację *in situ* (FISH) i barwienie srebrowe (Ag-I). Stwierdzono zmienność wielkości NOR u pięciu ras świń hodowanych w Polsce [24].

Analiza polimorfizmu wielkości bloków centromerowej chromatyny konstytutywnej i obszarów jąderkotwórczych może posłużyć jako źródło markerów genetycznych [160]. Opierając się na wynikach analiz polimorfizmu rejonów heterochromatyny konstytutywnej i regionów jąderkotwórczych poczynionych przez wielu badaczy można uznać, że oba regiony markerowe ze względu na znaczny polimorfizm mogą być wykorzystane do analizy sprzężeń i mapowania genów, warunkujących cechy gospodarczo użyteczne. Poza tym, ze względu na stosunkowo niską liczbę diploidalną i różnorodną morfologię chromosomów świń, omawiane markery mogą być wykorzystywane w mapowaniu genów u tego gatunku. Zauważone tendencje rasowe występowania polimorfizmu wielkości regionów markerowych sugerują uwzględnienie tych wyników w wyborze indywidualnych markerów chromosomowych dla określonych ras zwierząt [144].

5. PODSUMOWANIE I WNIOSKI

Przeprowadzone badania pozwoliły na sformułowanie następujących wniosków i stwierdzeń:

1. W badanej grupie loch ras pbz i wbp stwierdzono różnice w wartościach cech użytkowości rozrodczej. Badane lochy rasy pbz rodziły istotnie więcej prosiąt w trzecim, czwartym i piątym miocie, co wpłynęło na większą liczbę prosiąt żywo urodzonych łącznie w czterech i pięciu miotach w porównaniu z grupą loch rasy wbp. Analogiczną sytuację stwierdzono w odniesieniu do liczby prosiąt odchowanych do 21. dnia życia. Wykazano także, że lochy rasy pbz były istotnie młodsze w dniu pierwszego oproszenia niż lochy rasy wbp. Dłuższe okresy cykli rozplodowych u loch rasy pbz spowodowały, że w chwili urodzenia szóstego miotu istotnie starsze okazały się lochy rasy pbz w stosunku do loch rasy wbp.
2. Wśród loch rasy pbz i wbp stwierdzono występowanie dwóch genotypów *RYRI* (*CC* i *CT*). Większość stanowiły lochy o genotypie homozygotycznym *CC*, których frekwencja wyniosła 0,9306 (rasa wbp) oraz 0,5750 (rasa pbz). W badanych grupach genotypowych stwierdzono wzrost liczby żywo urodzonych prosiąt do czwartego miotu przez lochy rasy pbz oraz do piątego przez lochy rasy wbp. Łącznie w sześciu miotach najwięcej prosiąt urodziły i odchowały do 21. dnia życia lochy rasy wbp o genotypie *CT* (odpowiednio 76,03 i 67,55 prosiąt), które również były najmłodsze w czasie pierwszego oproszenia (331,92 dni). Wśród loch rasy pbz stwierdzono zbliżony wiek pierwszego oproszenia dla obu obserwowanych genotypów. Lochy o genotypie *CC* wykazywały krótszy cykl rozplodowy niż lochy o genotypie *CT* zarówno wśród osobników rasy pbz, jak i wbp.
3. W grupie badanych loch najczęściej obserwowano genotyp heterozygotyczny *AB* *ESR/PvuII*, natomiast genotypy o najmniejszej częstości to *AA* w rasie pbz i *BB* w rasie wbp. Najwięcej prosiąt łącznie w sześciu miotach urodziły lochy rasy pbz o genotypie *AA* (72,15), a rasy wbp o genotypie *BB* (77,00). Lochy rasy pbz o genotypie *AA* także odchowały do wieku 21 dni najwięcej prosiąt (68,95), natomiast rasy wbp o genotypie *BB* tylko 67,70 prosiąt. Najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AB* (około 337 dni) rasy pbz, a wśród loch rasy wbp o genotypie *AA* (346 dni). W obu rasach stwierdzono, że najstarsze w czasie pierwszego porodu były lochy o genotypie *BB*. Różnice w długości cykli rozplodowych malały wraz z kolejnymi porodami we wszystkich analizowanych grupach genotypowych. Lochy o genotypie *AA* wykazywały średni okres międzymiotu dłuższy niż lochy o genotypach *AB* i *BB* zarówno wśród osobników rasy pbz, jak i wbp.
4. W badanej grupie loch w locus *ESR/AvaI* najczęściej występował genotyp *MW*, którego frekwencja wynosiła u loch rasy pbz 0,7438, a rasy wbp 0,5029. Liczba prosiąt żywo urodzonych w sześciu miotach była najwyższa w grupie loch o genotypie *MW* ras pbz oraz wbp i wynosiła odpowiednio 72,27 oraz 75,62 prosiąt. Lochy te również odchowały największą liczbę prosiąt w swoich grupach rasowych. Z kolei najmniej urodziły i odchowały łącznie w sześciu miotach lochy o genotypie *MM* ras pbz i wbp. Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *WW* (około 337 dni), a rasy wbp o genotypie *MM* (około 332 dni). Z kolei średni okres międzymiotu od pierwszego do

- szóstego oproszenia najdłuższy był u loch o genotypie *MM* zarówno rasy pbz, jak i wbp, natomiast najkrótszy u loch o genotypie *MW* rasy pbz i *WW* rasy wbp.
5. W locus *ESR/MspA1I* obserwowano najczęściej genotyp *AA* u loch ras pbz i wbp. W obu badanych grupach rasowych sporadycznie obserwowano występowanie genotypu *BB*. Średnia liczba prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia od pierwszego do szóstego miotu okazała się zbliżona u loch o genotypach *AA* i *AB* w obrębie ras pbz i wbp. Lochy o genotypie *BB* w grupie loch rasy pbz były najstarsze (361 dni), a w grupie loch rasy wbp najmłodsze (ponad 340 dni) w czasie pierwszego oproszenia. Ze względu na bardzo małą liczbę loch o genotypie *BB* w obu grupach rasowych uzyskane wyniki dotyczące wieku pierwszego oproszenia i długości okresów międzymiotów stanowią tylko orientacyjne źródło o ich poziomie. Średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia u loch rasy pbz o genotypach *AA* i *AB* okazał się identyczny.
 6. W grupie loch rasy pbz najczęściej obserwowanym był genotyp *BB CYP21/HaeIII* o frekwencji 0,5276, a w grupie loch rasy wbp genotyp *AB*, którego frekwencja wynosiła 0,6599. W obrębie rasy pbz wyższą średnią liczbą prosiąt żywo urodzonych od pierwszego do szóstego miotu oraz odchowanych do 21. dnia życia charakteryzowały się lochy o genotypie *AA*, a w rasie wbp o genotypie *BB*. Wśród loch rasy pbz najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA*, a najstarsze o genotypie *BB*, natomiast odwrotną sytuację obserwowano w grupie loch rasy wbp. W grupie loch rasy pbz najdłuższym średnim okresem międzymiotów charakteryzowały się lochy o genotypie *AA*, najkrótszym lochy o genotypie *AB*, a wśród loch rasy wbp obserwowano odwrotną zależność.
 7. Częstość występowania poszczególnych genotypów (*AA*, *AB*, *BB*) *CYP21/NciI* w badanej grupie loch ras pbz i wbp była zbliżona. Średnia liczba prosiąt urodzonych i odchowanych do 21. dnia życia w sześciu miotach przez lochy rasy pbz o genotypach *AA*, *AB* i *BB* okazała się zbliżona. Spostrzeżenie to dotyczy także grup genotypowych loch rasy wbp. Lochy o genotypie *AA* były najmłodsze w chwili pierwszego oproszenia zarówno wśród grupy loch rasy pbz, jak i wbp. Z kolei najstarsze okazały się lochy o genotypie *BB* należące do rasy pbz i o genotypie *AB* rasy wbp. W grupie loch rasy pbz najdłuższym średnim cyklem rozplodowym charakteryzowały się lochy o genotypie *AA*, a najkrótszym lochy o genotypie *AB*, natomiast odwrotną sytuację odnotowano wśród loch rasy wbp.
 8. W badanej grupie loch obu ras obserwowano trzy genotypy *IGF1R*. Najczęściej w obu rasach występował genotyp *AA*, którego częstość wśród loch rasy pbz wynosiła 0,7313, a rasy wbp 0,8671. W obu rasach odnotowano bardzo niewielki udział genotypu *BB*. Wśród loch rasy pbz najmniej łącznie w sześciu miotach urodziły lochy o genotypie *BB*, natomiast w rasie wbp lochy o genotypie *AB*. Jednakże analizując liczbę odchowanych do 21. dnia życia prosiąt okazało się, że lochy te odchowały najwięcej prosiąt w stosunku do urodzonych w swoich grupach rasowych. Najstarsze w chwili pierwszego oproszenia były lochy o genotypie *AA* należące do ras wbp i pbz. Loch o tym genotypie wśród ras pbz i wbp było zdecydowanie najwięcej. Z kolei średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia najdłuższy był u loch o genotypie *AB* w obu rasach.
 9. Analizując związek pomiędzy poszczególnymi genotypami a poziomem badanych cech dotyczących użytkowości rozplodowej loch rasy pbz i wbp stwierdzono, że pojedyncze geny w różny sposób mogą wpływać na wartości tych cech. W badanej grupie loch rasy pbz stwierdzono, że: największa łączna liczba prosiąt żywo uro-

dzonych w sześciu miotach wahała się od 70,62 (lochy o genotypie *CC RYR1/HhaI*) do 75,31 (lochy o genotypie *AA CYP21/HaeIII*), łączna liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w sześciu miotach od 66,69 (lochy o genotypie *CT RYR1/HhaI*) do 73,27 (lochy o genotypie *AA CYP21/HaeIII*). Lochy o genotypie *AA CYP21/HaeIII* były najmłodsze (330 dni) w czasie pierwszego oproszenia, a najkrótszy średni cykl rozplodowy od pierwszego do szóstego oproszenia (179,44 dni) odnotowano u loch o genotypie *AB ESR/PvuII*. W badanej grupie loch rasy wbp stwierdzono, że: największa łączna liczba prosiąt żywo urodzonych w sześciu miotach wahała się od 75,40 (lochy o genotypie *AA CYP21/NciI*) do 85,16 (lochy o genotypie *BB IGF1R*), łączna liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w sześciu miotach od 67,05 (lochy o genotypie *BB IGF1R*) do 68,30 (lochy o genotypie *MW ESR/AvaI*). Lochy o genotypie *BB IGF1R* były najmłodsze (323,67 dni) w czasie pierwszego oproszenia, a najkrótszy wynoszący 168,43 dni średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia odnotowano u loch o genotypie *CC RYR1/HhaI*.

10. W poszczególnych stadach loch rasy pbz i wbp obserwowano zróżnicowanie genotypowe oraz zróżnicowanie wartości analizowanych cech charakteryzujących rozród. W stadach, w których obserwowano korzystne wartości tych cech, udział loch reprezentujących poszczególne genotypy był zróżnicowany.
11. Badana grupa loch posiadała prawidłową liczbę chromosomów charakterystyczną dla gatunku i płci $2n = 38,XX$. U loch rasy pbz stwierdzono mniejszą średnią powierzchnię chromosomów w płycie metafazowej (chromosomów płci i autosomów), mniejszą powierzchnię względną chromosomów płci i udział chromatyd chromosomów płci, mniejszą zmienność powierzchni chromatyd chromosomów płci i autosomalnych oraz mniejszą zmierzoną powierzchnię rejonów heterochromatyny centromerowej chromosomów akrocentrycznych par od 13 do 17 przy większej ich zmienności w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp. Wyniki te wskazują na różnice rasowe u świń w odniesieniu do powierzchni rejonów heterochromatyny centromerowej. Wielkość obszarów Ag-NOR w obu badanych grupach loch okazała się większa w 10 parze chromosomów w porównaniu z parą 8, w której to zaobserwowano zbliżoną wielkość obszarów jąderkotwórczych w obu badanych grupach rasowych loch przy większej zmienności ich wielkości u loch rasy wbp.
12. W świetle przeprowadzonych badań wydaje się, że pożądanym genotypem wśród loch rasy pbz jest genotyp: *CC RYR1*, *AA ESR/PvuII* lub *AB ESR/PvuII*, *MW ESR/AvaI*, *AB ESR/MspA1I*, *AA CYP21/HaeIII* lub *BB CYP21/HaeIII*, *AA CYP21/NciI*, *BB IGF1R*, natomiast wśród loch rasy wbp genotyp: *CT RYR1*, *BB ESR/PvuII*, *MW ESR/AvaI*, *AB ESR/MspA1I*, *BB CYP21/HaeIII* lub *AA CYP21/HaeIII*, *AA CYP21/NciI* lub *BB CYP21/NciI*, *BB IGF1R*. Poznanie genetycznych uwarunkowań – poprzez zidentyfikowanie, metodami genetyki molekularnej genów wpływających na poszczególne cechy użytkowości rozrodczej loch – pozwoli na ich doskonalenie i uzyskanie szybszego postępu hodowlanego.

LITERATURA

- [1] Alfonso L., 2005. Use of meta-analysis to combine candidate gene association studies: application to study the relationship between the *ESR PvuII* polymorphism and sow litter size. *Genet. Sel. Evol.* 37, 417-435.
- [2] Avise J.C., 2008. Markery molekularne, historia naturalna i ewolucja. Wydawnictwa Uniwersytetu Warszawskiego.
- [3] Babicz M., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B., Walkiewicz A., Słota E., 2004. Assessment of size of centromeric heterochromatin regions in puławska pigs. *Ann. Anim. Sci.* 4(1), 15-21.
- [4] Babicz M., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska A., Walkiewicz A., Słota E., 2003. Analiza wielkości rejonów heterochromatyny centromerowej u świń rasy puławskiej. *Mat. konf. nauk. „Środowisko, Zwierzę, Produkt”* Lublin, 187.
- [5] Babicz M., Walkiewicz A., Kurył J., 2002. Próba oceny istotności związków pomiędzy polimorfizmem w locus *RYRI* a poziomem cech użytkowości rozplodowej loch rasy puławskiej. *Mat. Sesji Nauk. Zagadnienia bioróżnorodności w naukach zootechnicznych*, Poznań.
- [6] Baker J., Hardy M.P., Zhou J., Bondy C., Lupu F., Bellve A.R., Efstratiadis A., 1996. Effects of an *Igf1* gene null mutation on mouse reproduction. *Mol. Endocrinol.* 10(7), 903-918.
- [7] Bečková R., Dwořák J., Daněk P., Rozkot M., 2002. Genetic fertility markers in landrace pigs in the Czech Republic. *Ann. Anim. Sci. Suppl.* 2, 103-108.
- [8] Beeckmann P., Schröffel J., Moser G., Bartenschlager H., Reiner G., Geldermann H., 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 1. *J. Anim. Breed. Genet.* 120 (Suppl. 1), 1-10.
- [9] Bogdzińska M., 2004. Effect of the *RYRI* gene polymorphism on selected reproductive traits of Polish Large White and Polish Landrace sows. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 22, 13-17.
- [10] Bogdzińska M., 2004. *ESR* gene polymorphism and selected reproductive traits of Polish Large White sows. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 22, 7-11.
- [11] Braglia S., Ramirez O., Noguera J.L., Tomás A., Ovilo C., Varona L., 2006. Comparison of genetic models for analysing the effects of a *PvuII* polymorphism in the oestrogen receptor 1 (*ESR1*) gene on prolificacy in an Iberian x Meishan pig population. *Animal Genetics* 37(5), 454-458.
- [12] Charon K.M., Świtoński M., 2005. *Genetyka zwierząt*. PWN Warszawa.
- [13] Czaker R., Mayr B., 1980. Detection of nucleolus organizer regions (NOR) in the chromosomes of the domestic pig (*Sus scrofa domestica* L.). *Experientia* 36, 1356-1357.
- [14] Czaker R., Mayr B., 1982. Comparative studies on the polymorphism of nucleolus organizer regions (NORs) in four breeds of domestic pigs (*Sus scrofa domestica* L.) with special emphasis on the development of breeds. *Z. Zool. Syst. Evolut.-forsh.* 20, 233-241.
- [15] Danielak B., Kozubska-Sobocińska A., Rejduch B., Słota E., 1994. Ocena wpływu zmian kariotypu na płodność świń z uwzględnieniem strat ekonomicznych. *Pr. Mat. Zoot. Zesz. Spec.* 3, 15-17.
- [16] Danielak-Czech B., 2001. Strukturalna niestabilność genomu przyczyną nieprawidłowości kariotypu świń. *Biul. Inf. IZ XXXIX(4)*, 15-23.

- [17] Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Słota E., Rejduch B., Kwaczyńska A., 1996. Preliminary identification of pair 1 chromosome rearrangement in the Polish Landrace sows. *Arch. Zoot.* 45, 215-219.
- [18] Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Słota E., Rejduch B., Okularczyk S., 1996. Decrease in pig fertility as a result of reciprocal translocations and associated economic effects on the basis of $rec(7;13)(q13;q46)$. *J. Appl. Genet.* 36(4), 373-384.
- [19] Danielak-Czech B., Słota E., 2000. Strukturalna niestabilność chromosomów zwierząt gospodarskich. *Biul. Inf. IZ XXXVIII(4)*, 5-10.
- [20] Danielak-Czech B., Słota E., 2002. Unstable chromosomal regions in subfertile farm animals. *Ann. Anim. Sci.* 2(2), 5-14.
- [21] Danielak-Czech B., Słota E., 2004. Mutagen-induced chromosome instability in farm animals. *J. Anim. and Feed Sci.* 13, 257-267.
- [22] Danielak-Czech B., Słota E., Babicz M., Kozubska-Sobocińska A., Rejduch B., 2006. Ocena wielkości regionów jąderkotwórczych (NOR) u świń rasy puławskiej. *Rocz. Nauk. Zoot.* 33(1), 13-19.
- [23] Danielak-Czech B., Słota E., Kozubska-Sobocińska A., Rejduch B., 1995. Zmiany kariotypu a płodność i selekcja świń. *Mat. IV Symp. Cytogenetyki Zwierząt Gosp.*, 19-20.
- [24] Danielak-Czech B., Słota E., Lindblad K., Gustavsson I., 1999. Size polymorphism of nucleolar organizer regions in pigs bred in Poland as determined by FISH and silver staining technique. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 17(4), 163-171.
- [25] Danielak-Czech B., Słota E., Świtoński M., 1994. Identification of the first reciprocal translocations in the pig population bred in Poland. *Proc. 11th Europ. Coll. Cytogenet. Domest. Anim.*, 20-24.
- [26] Danielak-Czech B., Świtoński M., Słota E., 1997. First identification of reciprocal translocations in Polish pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 114, 69-78.
- [27] Dąbrowski Z., 1998. *Fizjologia krwi. Wybrane zagadnienia.* PWN Warszawa.
- [28] Drögemüller C., Hamann H., Distl O., 2001. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J. Anim. Sci.* 79, 2565-2570.
- [29] Drögemüller C., Thieren U., Harlizius B., 1997. An A α and MspAII polymorphism at the porcine oestrogen receptor (*ESR*) gene. *Animal Genetics* 28(1), 59.
- [30] Ducos A., Berland H.M., Pinton A., Guillemot E., Seguella A., Blanc M.F., Darre A., Darre R., 1998. Nine new cases of reciprocal translocation in the domestic pig (*Sus scrofa domestica* L.). *J. Heredity* 89(2), 136-142.
- [31] Ducos A., Pinton A., Yerle M., Séguella A., Berland H.M., Brun-Baronnat C., Bonnet N., Darre R., 2002. Cytogenetic and molecular characterization of eight new reciprocal translocations in the pig species. Estimation of their incidence in French populations. *Genet. Sel. Evol.* 34, 389-406.
- [32] Ford C.E., Pollock D.L., Gustavsson I., 1980. Proceedings of the First International Conference for the Standardisation of Banded Karyotypes of Domestic Animals. *Hereditas* 92, 145-162.
- [33] 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, 448-451.
- [34] Geffrotin C., Chardon P., De Andres-Cara D.F., Feil R., Renard C., Vaiman C., 1990. The swine steroid 21-hydroxylase gene (*CYP21*): cloning and mapping within the swine leucocyte antigen complex. *Animal Genetics* 21, 1-13.

- [35] Geffrotin C., Renard C., Chardon P., Vaiman C., 1991. Marked genetic polymorphism of the swine steroid 21-hydroxylase gene, and its location between the SLA class I and class II regions. *Animal Genetics* 22, 311-322.
- [36] Gibson J.P., Jiang Z.H., Robinson J.A.B., Archibald A.L., Haley C.S., 2002. No detectable association of the *ESR PvuII* mutation with sow productivity in a Meishan x Large White F₂ population. *Animal Genetics* 33, 448-450.
- [37] Goliášová E., Wolf J., 2004. Impact of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs. *Animal Genetics* 35, 293-297.
- [38] Goliášová E., Wolf J., 2004. Herd specific effects of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White sows. *Czech J. Anim. Sci.* 49(9), 373-382.
- [39] Golisch D., 1989. Zytogenetische Analyse eines Zuchtschwaibestandes unter dem Aspekt des Auftretens von 13/17-Fusionstranslokationen. *Arch. Tierz.* 32(3), 245-253.
- [40] Golisch D., Ritter E., Falkenberg H., Schwerin M., 1984. Merkmale der reproduktiven Fitness eines Ebers mit einer reziproken autosomalen 1/14-Translokation – untersucht an Anpaarungs- und Nachkommenleistungen. *Arch. Tierz.* 27(2), 145-156.
- [41] Golisch D., Ritter E., Schwerin M., 1982. Zytogenetische Untersuchungen von Ebern unterschiedlicher genetischer Konstruktionen. *Arch. Tierz.* 24(4), 337-344.
- [42] Golisch D., Ritter E., Schwerin M., 1986. Das Auftreten einer 13/17-Fusions-translokation bei Ebern und ihre phänotypischen Auswirkungen. *Arch. Tierz.* 29(3), 225-235.
- [43] Gronek P., Słomski R., Kwiatkowska J., 1998. Molekularne podłoże podwyższonej wrażliwości świń na czynniki stresowe. *Med. Wet.* 54(1), 29-32.
- [44] Grudniewska B. (red.), 1998. Hodowla i użytkowanie świń. ART Olsztyn.
- [45] Gustavsson I., 1988. Standard karyotype of the domestic pig. *Hereditas* 109, 151-157.
- [46] Gustavsson I., 1990. Chromosome of the Pig. *Adv. Vet. Sci. Comp. Med.* 34, 73-107.
- [47] Horogh G., Zsolnai A., Komlósi I., Nyíri A., Anton I., Fésüs L., 2005. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 122(1), 56-61.
- [48] Houde A., Pommier S.A., Roy R., 1993. Detection of the ryanodine receptor mutation associated with malignant hyperthermia in purebred swine populations. *J. Anim. Sci.* 71, 1414-1418.
- [49] Humpolíček P., Urban T., Horák P., 2006. Influence of *ESR1* and *FSHB* genes on litter size in Czech Large White sows (short communication). *Arch. Tierz.* 49(2), 152-157.
- [50] Isler B.J., Irvin K.M., Neal S.M., 1999. Investigation of the estrogen receptor gene and its association with reproductive tract traits in swine. Special circular – Ohio Agricultural Research and Development Center. 164.
- [51] Isler B.J., Irvin K.M., Neal S.M., Moeller S.J., Davis M.E., 2002. Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive traits in swine. *J. Anim. Sci.* 80, 2334-2339.
- [52] Isler B.J., Irvin K.M., Neal S.M., Moeller S.J., Davis M.E., Meeker D.L., 1999. Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive tract components in swine. Special circular – Ohio Agricultural Research and Development Center. 171, 54-59.

- [53] Isler B.J., Irvin K.M., Neal S.M., Moeller S.J., Davis M.E, Meeker D.L., 1999. Effect of the estrogen receptor gene on litter traits in swine. Special circular – Ohio Agricultural Research and Development Center. 168.
- [54] Jarczyk A., Pulkowska A., 1996. Wartość reprodukcyjna rasy pietrain oraz wpływ tej rasy na wyniki oceny przyżyciowej mieszańcowych knurków hodowlanych. Zesz. Nauk. PTZ 26, 151-159.
- [55] Kamiński S., Ruś A., Brym P., 2003. Relation between *AvaI* polymorphism within the estrogen receptor gene (*ESR*) and meatiness in Polish Large White boars. J. Appl. Genet. 44(4), 521-524.
- [56] Kamiński S., Ruś A., Wojtasik K., 2002. Simultaneous identification of ryanodine receptor 1 (*RYR1*) and estrogen receptor (*ESR*) genotypes with the multiplex PCR-RFLP method in Polish Large White and Polish Landrace pigs. J. Appl. Genet. 43(3), 331-335.
- [57] Kamiński S., Ruś A., Wojtasik K., 2002. Frequency of *AvaI* polymorphism within estrogen receptor gene (*ESR*) in Polish Large White and Polish Landrace boars. Ann. Anim. Sci. Suppl. 2, 2-31.
- [58] Kamiński S., Wójcik E., Ruś A., Brym P., 2002. Allele frequency in ryanodine receptor (*RYR1*) locus in boars of different breeds. Ann. Anim. Sci. Suppl. 2, 33-35.
- [59] Kamyczek M., 1996. Wykorzystanie metod genetyki molekularnej w hodowli świń. Mat. sem. Możliwości genetycznej poprawy pogłowia świń w Polsce pod względem cech ważnych gospodarczo. IZ Balice, 95-110.
- [60] Klocek C., Kochanowski J., Nowicki J., Migdał W., Kalinowska B., 2001. The effect of litter size on the reproductive performance of sows. Ann. Anim. Sci. Suppl.1, 113-117.
- [61] Kmiec M., Dwořak 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. and Rep. 18(4), 277-283.
- [62] Kmiec M., Dwořak 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.
- [63] Kmiec M., Dybus A., Ziemak J., Konik A., 2002. Associations between polymorphism of the *CYP21* gene and quality and quantity of semen in the Polish Landrace AI boars. Ann. Anim. Sci. Suppl. 2, 37-40.
- [64] Kmiec M., Polasik D., Terman A., Wojdak-Maksymiec K., 2004. Analiza wpływu polimorfizmu w *locus ESR/PvuII* na wybrane cechy ilościowe i jakościowe nasienia knurów. Pr. Mat. Zoot. Zesz. Spec. 15, 134.
- [65] Kmiec M., Terman A., 2004. Polimorfizm w genie *CYP21/HaeIII* stada loch rasy wielka biała polska. Mat. Polski Kongres Genetyki Gdańsk, 134.
- [66] Kmiec M., Terman A., 2004. Warianty genetyczne genu 21-hydroksylazy steroidowej (*CYP21*) a niektóre cechy użytkowości rozplodowej badanego stada świń rasy polskiej białej zwisłouchej. Mat. konf. Nauki Rolnicze w służbie człowieka i przyrody, Szczecin, 174.
- [67] Kmiec M., Terman A., 2004. Analiza zależności pomiędzy różnymi wariantami genu *ESR/PvuII* a cechami nasienia knurów reprodukcyjnych. Mat. Polski Kongres Genetyki Gdańsk, 124.

- [68] Kmieć M., Terman A., Napierała F., Polasik D., 2005. Polymorphism of the *CYP21* gene and some reproductive traits in Polish pigs. Mat. konf. Aktuální problémy šlechtění, chovu, zdraví a produkce prasat., České Budějovice, 57-59.
- [69] Kmieć M., Terman A., Wojdak-Maksymiec K., Romaniuk K., 2006. Kształtowanie się cech nasienia knurów rozplodowych w zależności od polimorfizmu w genie 21-hydroksylazy steroidowej. Mat. konf. nauk. Strategie produkcji zwierzęcej w aspekcie ochrony środowiska, Lublin, 66.
- [70] Kmieć M., Terman A., Ziemak J., 2003. Polimorfizm restrykcyjny genu receptora estrogenowego (ESR) a cechy nasienia knurów reprodukcyjnych. Mat. konf. nauk. Środowisko, Zwierzę, Produkt, Lublin, 198.
- [71] Kmieć M., Terman A., Ziemak J., Kowalewska I., 2004. Zależności między polimorfizmem genu receptora estrogenowego (*ESR/AvaI*, *ESR/PvuII*) a cechami nasienia knurów rasy polskiej białej zwisłouchej. Mat. konf. nauk. Praktyczne możliwości wykorzystania osiągnięć z biotechnologii w rozrodzie koni i świń, Szczecin – Darłówko, 103.
- [72] Kmieć M., Terman A., Ziemak J., Kowalewska-Luczak I., 2005. Zależności między polimorfizmem genu receptora estrogenowego (*ESR/AvaI*, *ESR/PvuII*) a cechami nasienia knurów rasy polska biała zwisłoucha. Folia Univ. Agric. Stetin, 243(47), 89-96.
- [73] Kmieć M., Ziemak J., 2002. Preliminary studies on associations between steroid 21-hydroxylase gene (*CYP21*) and some reproductive traits in pigs. Ann. Anim. Sci. Suppl. 2, 127-130.
- [74] Kmieć M., Ziemak J., Dybus A., Matusiak S., 2002. Analysis of relations between polymorphism in steroid 21-hydroxylase gene (*CYP21*) and quantitative and qualitative characters of boar semen. Czech J. Anim. Sci. 47(5), 194-199.
- [75] Knoll A., Čepica S., Stratil A., Nebola M., Dwořák J., 1998. Numerous PCR-RFLPs within the porcine *CYP21* (steroid 21-hydroxylase) gene. Animal Genetics 29, 402-403.
- [76] Kopečný M., Stratil A., Bartenschlager H., Peelman L.J., Van Poucke M., Geldermann H., 2002. Linkage and radiation hybrid mapping of the porcine *IGF1R* and *TPM2* genes to chromosome 1. Animal Genetics 33, 398-399.
- [77] Korwin-Kossakowska A., 2000. Geny związane z cechami rozrodu świń. Pr. Mat. Zoot. 57, 25-37.
- [78] Korwin-Kossakowska A., Kurył J., Pierzchała M., 1999. An analysis of relations between the polymorphism of estrogen receptor gene and some reproduction traits in Zlotnicka Spotted x Polish Large White pigs. Anim. Sci. Pap. and Rep. 17(4), 155-161.
- [79] Korwin-Kossakowska A., Sender G., Kurył J., 2004. Associations between the microsatellite DNA sequence in the *IGF1* gene, polymorphism in the *ESR* gene and selected reproduction traits in F1 (Zlotnicka Spotted x Polish Large White) sows. Anim. Sci. Pap. and Rep. 22(2), 215-226.
- [80] Kosarcic S., Kosarcic D., 2002. Investigating the influence of chromosome aberration on swine reproduction. 15th Europ. Coll. Cytogenet. Domest. Anim., Italy, 45.
- [81] Kowalewska-Luczak I., Kmieć M., Terman A., Szaruga M., 2006. *ESR* gene polymorphism and reproductive traits in Polish sows. Pig Genome I, Italy, 63.
- [82] Kozubska-Sobocińska A., 1998. Chromosomy płciowe u zwierząt gospodarskich w aspekcie zjawiska polimorfizmu i konserwatywności genetycznej. Biul. Inf. IZ XXXVI (2), 5-12.

- [83] Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B., Słota E., Rejduch B., 1996. Evaluation of the effect of centromeric heterochromatin polymorphism on pig fertility. *J. Appl. Genet.* 37(3), 293-298.
- [84] Kozubska-Sobocińska A., Słota E., Bugno M., Danielak-Czech B., Rejduch B., 1999. Zastosowanie systemu multiscan do oceny polimorfizmu chromosomów. *Rocz. Nauk. Zoot.* 26(3), 9-19.
- [85] Kozubska-Sobocińska A., Słota E., Danielak-Czech B., Rejduch B., 1995. Kłasyfikacja polimorfizmu chromosomu Y u czterech ras bydła na podstawie pomiarów długości chromosomów płciowych. *Rocz. Nauk. Zoot.* 22(2), 29-36.
- [86] Kurył J., 1999. Geny kształtujące cechy produkcyjne świń i możliwości wykorzystania ich w praktyce hodowlanej. *Mat. konf. nauk. Nowoczesne metody hodowli i produkcji świń*, Balice, 16-20.
- [87] Kurył J., 1999. Aktualne możliwości zastosowania badań z zakresu genetyki molekularnej w hodowli trzody chlewnej w Polsce. *Mat. konf. nauk. Nowoczesne metody hodowli i produkcji świń*. Balice, 41-51.
- [88] Lechniak D., 1996. Anomalie chromosomowe przyczyną zamierania gamet i zarodków zwierząt. *Med. Wet.* 52(2), 89-93.
- [89] Lechniak D., 1998. Hormon wzrostu (GH) – polimorfizm i wpływ na żeńskie cechy reprodukcyjne. *Med. Wet.* 54(6), 383-385.
- [90] Lechowska J., 2003. Analiza uwarunkowań płodności życiowej loch zarodowych rasy polskiej białej zwisłouchej i wielkiej białej polskiej. *Mat. konf. nauk. Środowisko, Zwierzę, Produkt.*, Lublin, 202.
- [91] Lechowska J., 2003. Ocena wartości rozplodowej loch zarodowych rasy polskiej białej zwisłouchej wpisanych do rejestru użytkowości rozplodowej. *Mat. konf. nauk. Środowisko, Zwierzę, Produkt.* Lublin, 203-204.
- [92] Lechowska J., Mroczek J., 2001. Assessing changes in the reproductive characteristics of Polish Large White sows born during 1990-1996 in the south-east Małopolska region. *Ann. Anim. Sci. Suppl.* 1, 167-168.
- [93] Lechowska J., Ruda M., 1999. Zmiany wybranych cech rozplodowych loch zarodowych rasy polskiej białej zwisłouchej w rejonie Małopolski południowo-wschodniej. *Zesz. Nauk. AR Kraków, Sesja naukowa*, 67, 167-172.
- [94] Lee S.S., Chen Y., Moran C., Stratil A., Reiner G., Bartenschlager H., Moser G., Geldermann H., 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 5. *J. Anim. Breed. Genet.* 120, Suppl. 1, 38-44.
- [95] Leeds T.D., Irvin K.M., Moeller S.J., 2001. The association between the estrogen receptor locus and growth, carcass, and developmental traits in pigs. *Special Circular – Ohio Agricultural Research and Development Center.* 185, 87-91.
- [96] Legault C., Gruand J., Lebost J., Garreau H., Ollivier L., Messer A., Rothschild M.F., 1996. Frequence et effet sur la prolificite du gene ESR dans deux lignees Large White en France. *Journees Rech. Porcine en France* 28, 9-14.
- [97] Li J.Q., Chen Z.M., Liu D.W., Liu X.H., Sun B.L., Ling F., Zhang H., Chen Y.S., 2003. Genetic effects of IGF-1 gene on the performance in Landrace x Lantang pig resource population. *Yi Chuan Xue Bao* 30(9), 835-839.
- [98] Linville R.C., Pomp D., Johnson R.K., Rothschild M.F., 2001. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. *J. Anim. Sci.* 79, 60-67.

- [99] Matoušek V., Čermáková A., Kernerová N., Králová P., 2005. Analysis of prolificacy in sows of hiperprolific lines of Large White breed. Czech J. Anim. Sci. 50(4), 155-162.
- [100] Matoušek V., Kernerová N., Kolaříková O., Křížova H., Urban T., Vrtková I., 2003. Effect of *RYRI* and *ESR* genotypes on the fertility of sows of Large White breed in elite herds. Czech J. Anim. Sci. 48(3), 129-133.
- [101] Matoušek V., Kernerová N., Vrtková I., Králová P., 2002. The influence of *RYRI* and *ESR* genotypes on fertility. Ann. Anim. Sci. Suppl. 2, 57-61.
- [102] Matteri R., Dyer C., Touchette K., Carroll J., Allee G., 2000. Effects of weaning on somatotrophic gene expression and circulating levels of insulin-like growth factor-1 (IGF-1) and IGF-2 in pigs. Domestic Animal Endocrinology 19(4), 247-259.
- [103] Mayr B., Schweizer D., Geber G., 1984. NOR activity, heterochromatin differentiation, and the Robertsonian polymorphism in *Sus scrofa* L. J. Heredity 75, 79-80.
- [104] Mellink C.H.M., Bosma A.A., De Haan N.A., 1994. Variation in size of Ag-NORs and fluorescent rDNA in situ hybridization signals in six breeds of domestic pig. Hereditas 120, 141-149.
- [105] Munoz G., Óvilo C., Amills M., Rodriguez C., 2004. Mapping of the porcine oestrogen receptor 2 gene and association study litter size in Iberian pigs. Animal Genetics 35(3), 242-244.
- [106] Napierała F., Kmiec M., Polasik D., Terman A., 2005. *ESR* – candidate gene for reproductive traits in Polish Large White sows. Mat. konf. Aktualni problémy šechteni, chovu, zdravi a produkce prasat., České Budejovice, 61-63.
- [107] Natoloczna-Kotara A., Jasek S., 2001. Association between polymorphism in *ESR* gene and litter size of Polish Landrace and Polish Large White sows – preliminary results. Ann. Anim. Sci. Suppl. 1, 153-157.
- [108] Natoloczna-Kotara A., Jasek S., Vrtkova I., 1999. Związek między polimorfizmem (*ESRII*) w genie receptora estrogenowego a wybranymi parametrami produkcyjnymi świń. Zesz. Nauk. AR Kraków, Sesja naukowa 67, 221-226.
- [109] Noguera J.L., Varona L., Gómez-Raya L., Sánchez A., Babot D., Estany J., Messer L.A., Rothschild M., Pérez-Enciso M., 2003. Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance. Liv. Prod. Sci. 82, 53-59.
- [110] Omelka R., Peškovičová D., Martiniaková M., Bauer M., Bauerová M., 2006. Effect of the estrogen receptor (*ESR*) and ryanodine receptor (*RYRI*) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs. Arch. Tierz. 49(4), 357-362.
- [111] Orzechowska B., Mucha A., 1999. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 1998. Instytut Zootechniki Kraków, 16-35.
- [112] Orzechowska B., Mucha A., 2000. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 1999. Instytut Zootechniki Kraków, 15-37.
- [113] Orzechowska B., Mucha A., 2001. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 2000. Instytut Zootechniki Kraków, 15-38.
- [114] Orzechowska B., Mucha A., 2002. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 2001. Instytut Zootechniki Kraków, 13-34.
- [115] Orzechowska B., Mucha A., 2003. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 2002. Instytut Zootechniki Kraków, 13-33.

- [116] Orzechowska B., Mucha A., 2004. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 2003. Instytut Zootechniki Kraków, 13-30.
- [117] Orzechowska B., Mucha A., 2005. Ocena użytkowości rozplodowej loch. Stan hodowli i wyniki oceny świń w roku 2004. Instytut Zootechniki Kraków, 12-29
- [118] Qiong L.G., Tong D.J., Ping J.X., Mu Z., 2002. Effects of RYR1 gene on reproductive traits of Large White sow. Chinese J. Vet. Sci. 22(4), 392-394.
- [119] Quintanilla R., Demeure O., Bidanel J.P., Milan D., Iannuccelli N., Amigues Y., Gruand J., Renard C., Chevalet C., Bonneau M., 2003. Dedection of quantitative trait loci for fat androstenone levels in pigs. J. Anim. Sci. 81, 385-394.
- [120] Pejsak Z., Sysa P.S., 1985. Badania cytogenetyczne u świń z objawami obojnacstwa. Med. Wet. XLI(3), 165-168.
- [121] Pieńkowska A., Świtoński M., 1993. Obszary jąderkotwórcze (NOR) u ssaków: występowanie i polimorfizm. Post. Biol. Kom. 20(2), 135-141.
- [122] Pierzchała M., 1996. Mapa genomu świni (*Sus scrofa domestica*). Pr. Mat. Zoot. 49, 7-24.
- [123] Popescu P., 2004. Chromosomal markers of reproduction in pigs. Anim. Sci. Pap. and Rep. 22(1), 83-87.
- [124] Rejduch B., Słota E., 1997. Frymartynizm u ssaków. Med. Wet. 53(6), 330-331.
- [125] Rejduch B., Słota E., Różycki M., Kościelny M., 2003. Chromosome number polymorphism in a litter of European wild boar (*Sus scrofa scrofa* L.). Anim. Sci. Pap. and Rep. 21(1), 57-62.
- [126] Rejduch B., Słota E., Sysa P.S., 2003. Analiza kompleksów synaptonemalnych w spermatocytach I rzędu u knurów o obniżonej płodności. Mat. konf. nauk. Srodowisko, Zwierzę, Produkt, Lublin, 211.
- [127] Rens B.T.T.M., Groot P.N., Lende T., 2002. The effect of estrogen receptor genotype on litter size and placental traits at term in F₂ crossbred gilts. Theriogenology 57(6), 1635-1649.
- [128] Ritter E., Golisch D., Falkenberg H., 1989. Ein Beitrag zu Untersuchungen von chromosomalen Merkmalen in ihren Beziehungen zu Fruchtbarkeits- und Aufzuchtleistungen beim Schwein. Arch. Tierz. 32(1), 29-38.
- [129] Ritter E., Golisch D., Schwerin M., 1987. Zusammenhänge zwischen der Fitness und spontanen Chromosomenmutationen beim Schwein. Arch. Tierz. 30(1), 91-101.
- [130] Rohrer G.A., Ford J.J., Wise T.H., Vallet J.L., Christenson R.K., 1999. Identification of quantitative trait loci affecting female reproductive traits in a multigeneration Meishan – White composite swine population. J. Anim. Sci. 77, 1385-1391.
- [131] Rothschild M., Jacobson C., Vaske D., Tuggle C., Wang L., Short T., Eckardt G., Sasaki S., Vincent A., Mc Laren D., Southwood O., Steen H., Mileham A., Plastow G., 1996. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93, 201-205.
- [132] 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.
- [133] Różycki M., 2002. Rola i miejsce nauki w nowoczesnej hodowli świń. Mat. konf. Zastosowanie osiągnięć naukowych z zakresu genetyki, rozrodu i żywienia w nowoczesnej produkcji świń, ATR Bydgoszcz, 13-17.
- [134] Rubeš J., 1985. Chromosome mutations and sister chromatid exchanges in pigs. Roczn. Nauk. Zoot. 12(2), 25-32.

- [135] Ruszczyc Z., 1981. *Metodyka doświadczeń zootechnicznych*. PWRiL Warszawa.
- [136] Santana B.A.A., Biase F.H., Antunes R.C., Borges M., Franco M.M., Goulart L.R., 2006. Association of the estrogen receptor gene *Pvu* II restriction polymorphism with expected progeny differences for reproductive and performance traits in swine herds in Brazil. *Genet. Mol. Biol.* 29(2), 273-277.
- [137] Short T.H., Rothschild M.F., Southwood O.I., Mc Laren D.G., Vries A., Steen H., Eckardt G.R., Tuggle C.K., Helm J., Vaske D.A., Mileham A.J., Plastow G.S., 1997. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J. Anim. Sci.* 75, 3138-3142.
- [138] Skorupski M.T., Garrick D.J., Blair H.T., 1996. Estimates of genetic parameters for production and reproduction traits in three breeds of pigs. *New Zealand J. Agric. Res.* 39, 387-395.
- [139] Słota E., 1998. Polimorfizm chromosomów świni. *Rozpr. hab.*, Rocz. Nauk. Zoot. IZ Kraków.
- [140] Słota E., 1999. Wykorzystanie współczesnych osiągnięć cytogenetyki w hodowli świń. *Mat. konf. nauk. Nowoczesne metody hodowli i produkcji świń*, Balice, 3-15.
- [141] Słota E., Danielak B., Kozubska-Sobocińska A., 1994. Badania nad polimorfizmem chromosomów zwierząt gospodarskich. *Pr. Mat. Zoot. Zesz. Spec.* 3, 11-13.
- [142] Słota E., Danielak B., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska A., Sysa P.S., 1993. Wykorzystanie oceny prawidłowości kariotypu w hodowli zwierząt gospodarskich. *Biul. Inf. IZ* 5-6, 21-30.
- [143] Słota E., Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Rejduch B., 1994. Evaluation of C-band and nucleolar organizer regions polymorphism in pigs. *Proc. 11th Europ. Coll. Cytogenet. Domest. Anim.*, 145-149.
- [144] Słota E., Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Rejduch B., Bugno M., 2000. Identyfikacja markerów chromosomowych i możliwości ich wykorzystania w poszukiwaniu związków z cechami produkcyjnymi. *Rocz. Nauk. Zoot. Supl.*, 5, 256-261.
- [145] Słota E., Danielak-Czech B., Rejduch B., Kozubska-Sobocińska A., 1999. Aberacje chromosomowe u zwierząt gospodarskich objętych kontrolą kariotypu w Instytucie Zootechniki. *Biotechnologia* 4(47), 171-178.
- [146] Słota E., Rejduch B., 2004. Wykorzystanie badań cytogenetycznych w ocenie genomu, charakterystyce ras i selekcji świń. *Pr. Mat. Zoot.* 15, 27-34.
- [147] Słota E., Rejduch B., Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Kwaczyńska A., 1999. Badania cytogenetyczne u świń różnych ras i linii syntetycznych. *Mat. konf. nauk. Stan oraz perspektywy produkcyjne linii syntetycznych świń oraz ich wykorzystanie w krzyżowaniu*, Pawłowice, 69-80.
- [148] Słota E., Rejduch B., Radko A., 2003. Zastosowanie metod molekularnych i cytogenetycznych w hodowli i selekcji zwierząt. *Biotechnologia* 1(60), 84-92.
- [149] Smith T.P., Rohrer G.A., Alexander L.J., Troyer D.L., Kirby-Dobbels K.R., Janzen M.A., Cornwell D.L., Louis C.F., Schook L.B., Beattie C.W., 1995. Directed integration of the physical and genetic linkage maps of swine chromosome 7 reveals that the SLA spans the centromere. *Genome Res.* 5, 259-271.
- [150] Stasiak A., Mazur A., Ornatowska M., Kamyk P., 2003. Wyniki użytkowości rozplodowej loch zarodowych utrzymywanych na Lubelszczyźnie, objętych kontrolą w latach 2000-2002. *Ann. Univ. Mariae Curie-Skłodowska, sect. EE, Zootechnica XXI, NI* (39), 301-306.

- [151] 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.
- [152] Sysa P., 1980. Polymorphism of metaphase chromosomes in swine (*Sus scrofa* L.). *Genetica* 52/53, 312-315.
- [153] Sysa P., 1991. Cytogenetyka świni domowej (*Sus scrofa domestica*). Rozprawy Naukowe i Monografie, SGGW-AR Warszawa.
- [154] Szczepankiewicz D., Lechniak D., 2005. Gen receptora rianodiny (RYR1) – polimorfizm i związek z rozrodem świni domowej. *Med. Wet.* 61(3), 262-265.
- [155] Świtoński M., 1989. Translokacje chromosomowe u świń przyczyną drastycznego obniżenia płodności ich nosicieli. *Med. Wet.* XLV(8), 488-492.
- [156] Świtoński M., 1991. Paracentric inversion involving NOR of chromosome 8 in a boar: studies of synaptonemal complexes under a light microscope. *Genet. Sel. Evol.* 23, 181-189.
- [157] Świtoński M., 1992. Rozprzestrzenienie aberracji chromosomowych u zwierząt gospodarskich. *Med. Wet.* 48(3), 131-134.
- [158] Świtoński M., Danielak-Czech B., Słota E., Sysa P., 1998. Lack of pairing loop formation in synaptonemal complex preparation of a boar carrying an inversion. *Hereditas* 128, 83-85.
- [159] Świtoński M., Fries R., Stranzinger G., 1983. C-band variants of telocentric chromosomes in swine: evidence and inheritance studies. *Genet. Sel. Evol.* 15(4), 469-478.
- [160] Świtoński M., Komisarek J., Pietrzak J., 1997. The Polish „pig genome mapping” project. III. Chromosomal markers in generation F₁. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 15(2), 93-99.
- [161] Świtoński M., Pietrzak A., 1992. Cytogenetic survey of AI boars; distribution of C-band and Ag-NOR polymorphism. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 9, 91-96.
- [162] Świtoński M., Pietrzak A., Buczyński J., 1997. Chromosomal markers (C-band and Ag-NOR) in the Zlotnicka spotted pig. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 15(3), 173-178.
- [163] Świtoński M., Szydłowski M., Pietrzak A., Pieńkowska A., 1994. Markery chromosomowe u świń: możliwości wykorzystania w mapowaniu genów. *Pr. Mat. Zoot. Zesz. Spec.* 3, 19-22.
- [164] Terman A., Kmieć M., Polasik D., 2006. Estrogen receptor gene (*ESR*) and semen characteristics of boars. *Arch. Tierz.* 49(1), 71-76.
- [165] Tiranti I., Genghini R., Quintana H.G., Guarda I., Suarez L., 1998. Lymphocyte chromosomal chimaerism in pig intersexes. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 17(2), 69-80.
- [166] Tuggle C.K., Prather R.S., Soares M.B., Casavant T., Pomp D., Rothschild M.F., Beavis W., 2001. Gene discovery and functional genomics in the pig. *Proc. the National Swine Improvement Federation, NSIF* 26, 12.
- [167] Tyra M., Różycki M., 2002. Phenotypic and genetic correlations between reproductive traits of pigs. *Ann. Anim. Sci.* 2(2), 23-29.
- [168] Tyra M., Różycki M., 2004. Heritability of reproductive traits in pigs. *Anim. Sci. Pap. and Rep.* 22, Supp. 3, 235-242.
- [169] Wang W.J., Huang L.S., Chen K.F., Gao J., Jun R., Ai H.S., Lin W.H., 2002. Polymorphism of insulin-like growth factor-I gene in 13 pig breeds and its relationship with pig growth and carcass traits. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* 15 (10), 1391-1394. (*Anim. Breed. Abstracts* 2003, 71(5), 564).

- [170] Wang X.F., Wang A.G., Fu J., Lin H., 2006. Effects of ESR1, FSHB and RBP4 genes on litter size in a Large White and Landrace herd. Arch. Tierz. 49(1), 64-70.
- [171] Węgrzyn J., Skiba E., Danielak-Czech B., 1999. Expression and crossing over of genes of immunoglobulin heavy chains in pigs with translocation rcp(7;13)(g13;g46). Roczn. Nauk. Zoot. 26(4), 23-32.
- [172] Yerle M., Lahbib-Mansais Y., Pinton P., Robic A., Goureau A., Milan D., Gellin J., 1997. The cytogenetic map of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*). Mammalian Genome 8, 592-607.
- [173] Yue G., Stratil A., Kopecny M., Schröffelova D., Schröffel J., Hojny J., Cepica S., Davoli R., Zambonelli P., Brunsch C., Sternstein I., Moser G., Bartenschlager H., Reiner G., Geldermann H., 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 6. J. Anim. Breed. Genet. 120 (Suppl. 1), 45-55.
- [174] Zhang S.J., Xong Y.Z., Deng C.Y., Xia Y., Zheng R., Jiang S.W., Xu J.X., Xiao S.M., 2001. Study on polymorphisms of ESR and PRLP gene loci and correlation between polymorphism and litter size in Large White sows. J. Huazhong Agricultural University, 20(1), 11-14. (Anim. Breed. Abstracts 2002, 70(6), 3638).
- [175] Ziemak J., Grzesiak W., 2006. Associations between polymorphism of the steroid 21-hydroxylase gene (*CYP21*) and litter size of Polish Large White x Polish Landrace sows. Arch. Tierz. 49(2), 158-164.
- [176] Zwierzchowski L., Jaszczak K., Modliński J., 1997. Biotechnologia zwierząt. PWN Warszawa.
- [177] Żurkowski M., Kurył J., Różycki M., Kamyczek M., Janik A., Duniec M., Korwin-Kossakowska A., Niemczewski C., Czerwiński S., Buczyński J.T., 1995. The Polish "Pig genome mapping" project. I. Characterization of the genetic structure of resource breeds and F1 generation on the basis of genetic markers. Anim. Sci. Pap. and Rep. 13(2/3), 105-114.
- [178] <http://www.genome.iastate.edu/maps/reprogenes.html>

BADANIA MOLEKULARNE I CYTOGENETYCZNE W OCENIE CECH UŻYTKOWOŚCI ROZRODCZEJ LOCH RASY PBZ I WBP

Streszczenie

Badaniami objęto 160 loch rasy pbz i 173 lochy rasy wbp pochodzących z 12 stad zarodowych znajdujących się na terenie województwa kujawsko-pomorskiego. W badaniach uwzględniono następujące cechy charakteryzujące rozród loch: wiek pierwszego i kolejnych oproszeń, liczbę prosiąt żywo urodzonych od pierwszego do szóstego miotu, liczbę prosiąt w wieku 21 dni od pierwszego do szóstego miotu oraz okresy międzymiotów.

Stosując metodę PCR – RFLP określono genotypy loch pod względem genów: *RYR1/HhaI*, *ESR/PvuII*, *ESR/AvaI*, *ESR/MspA1I*, *CYP21/HaeIII*, *CYP21/NciI* oraz *IGF1R/Cfr42I*. Wykorzystując wieloczynnikową analizę wariancji określono wpływ genotypu pod względem analizowanych genów na cechy charakteryzujące rozród loch.

Określono prawidłowości kariotypów 40 loch (20 rasy pbz i 20 rasy wbp), powierzchnię chromosomów płci i autosomów oraz wielkość struktur chromosomowych – powierzchnię bloków heterochromatyny centromerowej i obszarów jąderkotwórczych (Ag-NOR) uważanych za markery genetyczne cech użytkowości rozplodowej loch.

W badanej grupie loch ras pbz i wbp stwierdzono różnice w wartościach cech dotyczących rozrodu. Łączną liczbę prosiąt żywo urodzonych w czterech oraz pięciu kolejnych miotach stwierdzono istotnie statystycznie wyższą u loch rasy pbz, które również odchowaly średnio więcej prosiąt od loch rasy wbp w trzecim i czwartym miocie oraz łącznie w czterech miotach. Analizując wiek pierwszego oproszenia oraz średnią długość trwania kolejnych okresów między miotami zaobserwowano, że lochy rasy pbz były istotnie statystycznie młodsze w dniu pierwszego oproszenia w porównaniu z lochami rasy wbp. Dłuższe okresy między kolejnymi porodami u loch rasy pbz spowodowały odwrócenie sytuacji po sześciu miotach.

Analizując wpływ poszczególnych genotypów na wartość analizowanych cech dotyczących rozrodu u loch rasy pbz i wbp stwierdzono, że pojedyncze geny w różny sposób kształtują ich poziom. W badanej grupie loch rasy pbz zaobserwowano, że: największa łączna liczba prosiąt żywo urodzonych w sześciu miotach wahała się od 70,62 (genotyp *RYR1/HhaI CC*) do 75,31 (genotyp *CYP21/HaeIII AA*), łączna liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w sześciu miotach od 66,69 (genotyp *RYR1/HhaI CT*) do 73,27 (genotyp *CYP21/HaeIII AA*), lochy o genotypie *AA CYP21/HaeIII* były najmłodsze (330 dni) w czasie pierwszego oproszenia, a najkrótszy, wynoszący 179,44 dni średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia odnotowano u loch o genotypie *AB ESR/PvuII*. W badanej grupie loch rasy wbp stwierdzono, że: największa łączna liczba prosiąt żywo urodzonych w sześciu miotach wahała się od 75,40 (genotyp *CYP21/NciI AA*) do 85,16 (genotyp *IGF1R BB*), łączna liczba prosiąt odchowanych do 21. dnia życia w sześciu miotach od 67,05 (genotyp *IGF1R BB*) do 68,30 (genotyp *ESR/AvaI MW*), lochy o genotypie *BB IGF1R* były najmłodsze (323,67 dni) w czasie pierwszego oproszenia, a najkrótszy wynoszący 168,43 dni średni okres międzymiotu od pierwszego do szóstego oproszenia odnotowano u loch o genotypie *CC RYR1/HhaI*.

Lochy posiadały prawidłową liczbą chromosomów charakterystyczną dla gatunku i płci $2n = 38,XX$. U loch rasy pbz zaobserwowano mniejszą średnią powierzchnię chromosomów w płycie metafazowej w porównaniu z badaną grupą loch rasy wbp.

**MOLECULAR AND CYTOGENETIC EXAMINATIONS
IN ASSESSMENT OF REPRODUCTION PERFORMANCE
TRAITS IN THE POLISH LANDRACE
AND POLISH LARGE WHITE SOWS**

Abstract

The research included 160 Polish Landrace sows and 173 Polish Large White sows from 12 pedigree herds in the Kujawsko-Pomorskie Province. The following traits determining sow breeding were taken into account: the age at the first and subsequent littings, number of piglets born alive in litters one to six, number of piglets at the age of 21 days in litters one to six, and inter-litter periods.

Using the PCR-RFLP method, sow genotypes were determined in terms of *RYR1/HhaI*, *ESR/PvuII*, *ESR/AvaI*, *ESR/MspA1I*, *CYP21/HaeIII*, *CYP21/NciI* genes as well as the *IGF1R/Cfr42I* gene. Utilizing the multivariate analysis of variance, the influence of the genotype on the traits determining sow breeding was established in terms of the genes analysed.

The karyotype regularities of 40 sows (20 Polish Landrace and 20 Polish Large White) were determined, as well as sex chromosome and autosome surfaces, and chromosome structure sizes – the surface of centromere heterochromatin blocks and nucleolar organizer regions (Ag-NOR) regarded as genetic markers of sow breeding performance traits.

Within the sows group analysed of the Polish Landrace and the Polish Large White breeds, differences were found in the values of traits related to breeding. The total number of piglets born alive in the four and five subsequent litters was found to be significantly higher in the Polish Landrace sows, which also reared on average more piglets than the Polish Large White sows in the third and fourth litter, and collectively in the four litters. Analysing the age at the first littering and the average length of the periods between subsequent litters, it was found that the Polish Landrace sows were significantly younger on the day of the first littering in comparison with the Polish Large White sows. Longer periods between the following littings in the Polish Landrace ewes meant that the situation was reversed after six litters.

Analysing the influence of particular genotypes on the value of the characteristics analysed concerning breeding in the Polish Landrace and the Polish Large White sows, it was found that individual genes affect their level in different ways. In the group of the Polish Landrace sows examined it was found that the highest total number of piglets born alive in six litters was between 70.62 (*RYR1/HhaI CC* genotype) and 75.31 (*CYP21/HaeIII AA* genotype), total number of piglets reared until day 21 of their lives in six litters ranged from 66.69 (*RYR1/HhaI CT* genotype) to 73.27 (*CYP21/HaeIII AA* genotype), sows with the *AA CYP21/HaeIII* genotype were the youngest at the time of the first littering at 330.05 days, and the shortest average inter-litter period of 179.44 days from the first to the sixth littering was noted in sows with the *AB ESR/PvuII* genotype. In the group of the Polish Large White sows examined it was found that the highest total number of piglets born alive in the six litters was between 75.40 (*CYP21/NciI AA* genotype) and 85.16 (*IGF1R BB* genotype), total number of piglets reared until day 21 of their lives in the six litters was from 67.05 (*IGF1R BB* genotype) to 68.30 (*ESR/AvaI MW* genotype), sows with the *BB IGF1R* genotype were the youngest at the time of the first littering at 323.67 days, and the shortest average inter-litter period be-

tween the first and the sixth littering of 168.43 days was noted in sows with the *CC RYRI/HhaI* genotype.

The sows demonstrated the adequate number of chromosomes, characteristic for the species and sex – $2n = 38,XX$. The Polish Landrace sows had a lower average chromosome surface in the metaphase plate in comparison with the group of the Polish Large White sows examined.