

DLACZEGO WARTO POZNAĆ GENOTYP SWOICH ŚWIŃ?

HANNA JANKOWIAK



Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt

IV Pomorskie Forum Trzodziarskie
14.11.2016, Borzechowo

Cechy ilościowe, istotne ze względów ekonomicznych, są wynikiem oddziaływania kilku lub wielu genów oraz czynników środowiskowych.

Geny te noszą nazwę genów cech ilościowych
(QTLs - *quantitative traits loci*)

Zakres oddziaływania poszczególnych QTLs, jest zróżnicowany, stąd w ich obrębie wyróżnia się tzw. geny główne, których oddziaływanie jest większe aniżeli innych kształtujących określoną cechę (tzw. genów kandydujących).

Główne obszary poszukiwania QTLs w genomie świni

QTLs oddziałujące na cechy rozrodcze

QTLs kształtujące jakość tuszy i mięsa

QTLs oddziałujące na cechy rozrodcze

- Aktualne starania w kierunku genetycznie uwarunkowanej poprawy wskaźników rozrodu świń bazują na metodach hodowli klasycznej, w oparciu o jej główne narzędzie tj. ukierunkowaną selekcję.
- Jednakże, uzyskanie satysfakcjonującego w tym zakresie postępu hodowlanego jest mocno utrudnione ze względu na niską odziedziczalność tych cech i silny wpływ warunków środowiskowych.
- Z tego m.in. wynika potrzeba poszukiwania nowych, bardziej doskonałych wskaźników oceny i rozwiązań w zakresie metod doskonalenia genetycznego zwierząt.

Duże nadzieje wiąże się z wykorzystaniem w praktyce osiągnięć genetyki molekularnej i wsparcie klasycznej hodowli selekcją w oparciu o tzw. markery genetyczne.

Według Sollera (2004) wprowadzenie selekcji typu MAS (marker - assisted selection), w oparciu o geny o sprawdzonym i wysokim efekcie oddziaływania pozwoli na prowadzenie efektywnej hodowli w zakresie cech odziedziczalnych.

- Monitorowanie obecności w genomie niekorzystnego wariantu genu „**podatności na stres**” - ***RYR1*** jest przykładem zastosowania w selekcji świń wyników badań polimorfizmu DNA.
- Kontrola ta stała się elementem programów hodowlanych w wielu krajach.
- Całkowite eliminowanie z hodowli nosicieli *RYR1* lub niedopuszczanie ich do rozrodu jest przykładem **negatywnej selekcji typu MAS**.
- Obecnie coraz powszechniejsze jest prowadzenie **selekcji pozytywnej** - wybór do hodowli zwierząt, których rozród stwarza gwarancję wzrostu alleli o dodatnim wpływie na daną cechę.

Główne wskaźniki efektywności rozrodu świń

- Liczebność miotu, liczba owulowanych oocytów
- Współczynnik zapłodnienia
- Wiek pierwszego oproszenia
- Długość okresu międzymiotu

Gen receptora estrogenu - *ESR*

Produkt *ESR* kontroluje działanie estrogenu - hormonu, pełniącego istotną rolę w rozwoju narządów rozrodczych.

Uznaje się go za główny czynnik podtrzymywania ciąży.

Gen *ESR* zmapowano w genomie świni w chromosomie 1 (*Ellegren i wsp., 1994*).

Obecność w genomie allelu *B/ESR* wiąże się ze zwiększeniem liczebności miotu o 1,15 prosięcia.

Dużą przeszkodę - stanowi bardzo niska frekwencja allelu *B*, a niejednokrotnie brak tego wariantu w puli genów ras hodowanych w Europie.



Fot. J. Krzesiński

Gen receptora estrogenu - ESR

Cechy reprodukcyjne u loch rasy Wielka Biała

Cecha	Genotyp		
	AA	AB	BB
Liczba prosiąt w miocie (szt.)	12,48 ^a 0,47	13,07 0,37	14,15 ^b 0,50
Liczba prosiąt żywo urodzonych (szt.)	12,49 0,44	12,78 0,34	13,65 0,47
Liczba prosiąt w dniu odsadzenia (szt.)	12,04 ^a 0,36	11,75 ^a 0,28	10,95 ^b 0,37

a,b – $P < 0,05$

Gen leptyny - *LEP* i jego receptora - *LEPR*

- **Leptyna** jest białkiem wydzielanym głównie przez komórki tłuszczowe. Do niedawno przypuszczano, że uczestniczy jedynie w metabolicznych procesach odkładania tłuszczu i oraz w regulacji apetytu.
- Jest ona jednak również ważnym ogniwem regulacji reprodukcji. Wskazuje się jej wpływ na rozwój zarodków i fizjologię łożyska.

Gen leptyny - *LEP* i jego receptora - *LEPR*

- Do tej pory opisano kilka mutacji w obu tych genach u świni. Stwierdzono występowanie szeregu zależności między różnymi wariantami genów *LEP* (chromosom 18) i *LEPR* (chromosom 6) a poziomem cech reprodukcyjnych.
- Gen *LEP* wpływa na liczebność miotu, z kolei *LEPR* oddziałuje na cechy związane z masą miotu i długością okresu międzymiotu. Lochy o genotypie *TT/LEP* dają liczniejsze mioty. Lochy o genotypie *AA/LEPR* cechują się najkrótszym okresem międzymiotu względem loch o genotypie *AB* i *BB*.

Gen prolaktyny - *PRL* i jego receptora - *PRLR*

Hormon ten pobudza laktację u karmiącej samicy, w odpowiedzi na bodźce ssącego potomstwa. Syntetyzowana jest w przysadce, w centralnym układzie nerwowym, w komórkach układu immunologicznego, w macicy czy łożysku.

Gen prolaktyny został zlokalizowany u świń w chromosomie 7 (Vincent i wsp., 1998).

W działaniu prolaktyny pośredniczy receptor prolaktyny, którego *locus* znajduje się u świń na 16 chromosomie.

Gen prolaktyny - PRL i jego receptora - PRLR

Zmiany w sekwencji tych genów mogą prowadzić do zakłóceń w rozrodzie:

znacznie obniżona skuteczność zapłodnienia

zaburzenia w implantacji zarodków

nieregularne cykle płciowe



Fot. H. Jankowiak

Gen białka wiążącego retinol - *RBP4*

- Działanie białka wiążącego retinol *RBP4* ma miejsce w czasie ciąży i związane jest z transportem witaminy A do zarodka.
- Wyniki wielu badań dowodzą, że obecność witaminy A odgrywa istotne znaczenie dla prawidłowego rozwoju pęcherzyka jajnikowego, gra rolę w procesie dojrzewania oocytów oraz w rozwoju zarodka. Wzbogacanie diety ciężarnych macior witaminą A powoduje wzrost liczebności miotu.
- Stwierdzono występowanie polimorfizmu sekwencji genu *RBP4* (chromosom 14), jednak brak jest statystycznie potwierdzonego wpływu tej mutacji na poziom cech reprodukcyjnych w rasach polskich.

Insulinopodobne czynniki wzrostu 1 (IGF1) i 2 (IGF2)

- Insulinopodobne czynniki wzrostu **IGF1** i **IGF2** pełnią ważną rolę w kontroli czynności jajników. Wpływają na wydzielanie estradiolu, progesteronu, androgenów, oksytocyny jajnikowej.
- Insulinopodobne czynniki wzrostu uczestniczą w procesie wzrostu i rozwoju płodu. **Wyłączenie** ze szlaku metabolicznego któregoś z tych genów powoduje **zmniejszenie liczebności miotu**.
- Potomstwo mające w genomie **allel 6** cechuje się lepszymi wskaźnikami rozrodu.



Fot. H. Jankowiak

Gen osteopontyny - *OPN*

- Gen osteopontyny (8 chromosom) związany jest z liczbą owulowanych oocytów.
- Pełni ważną rolę w implantacji embrionu i tworzeniu łożyska.
- Gen białka osteopontyny wytypowano jako gen kandydujący dla cech żywotności prenatalnej oraz liczebności miotu.

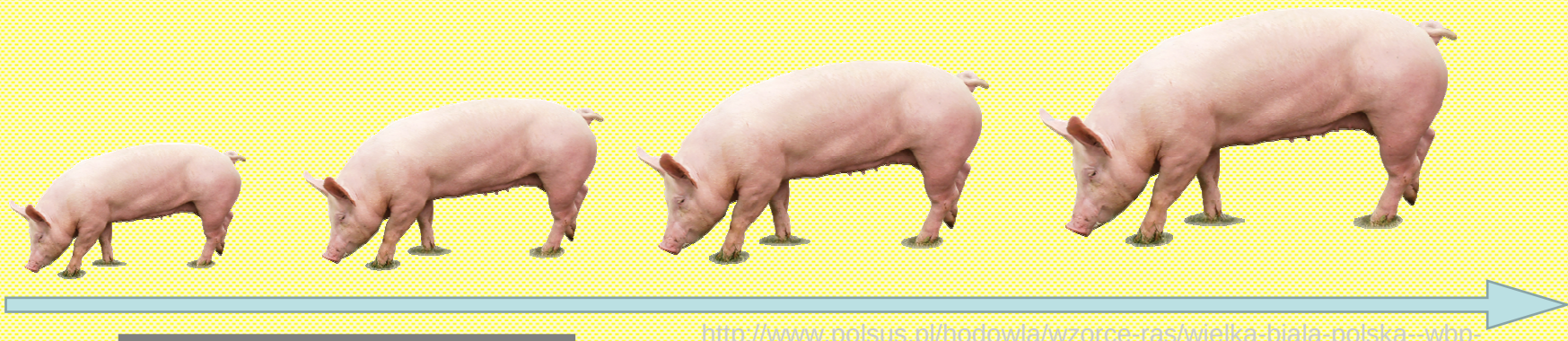
Aktualnie trwają badania nad tym genem, gdyż badana mutacja wydaje się mieć istotny statystyczny związek z liczebnością miotu loch.

Cechy reprodukcyjne loch w zależności od genotypu *OPN*

Cecha	Genotyp		
	<i>A/A</i>	<i>A/B</i>	<i>B/B</i>
Liczba prosiąt w miocie (szt.)	11,22 ± 0,49	10,49 ± 0,21	10,65 ± 0,20
Liczba prosiąt żywo urodzonych (szt.)	10,16 ^a ± 0,44	9,30 ^b ± 0,19	9,45 ± 0,18
Liczba prosiąt w 21 dniu (szt.)	10,14 ^{Aa} ± 0,44	8,92 ^B ± 0,20	9,08 ^b ± 0,18
Liczba prosiąt w dniu odsadzenia (szt.)	10,16 ^A ± 0,45	8,85 ^B ± 0,20	8,98 ^B ± 0,19

A,B – P<0,01; a,b – P<0,05

QTLs kształtujące jakość tuszy i mięsa



<http://www.polsus.pl/hodowla/wzorcowe-rasy/wielka-biala-polska-wbp>



Fot. H. Jankowiak



<http://www.chicagomeat.com/products/category/pork-products/>

Gen podatności świń na stres – *RYR1*

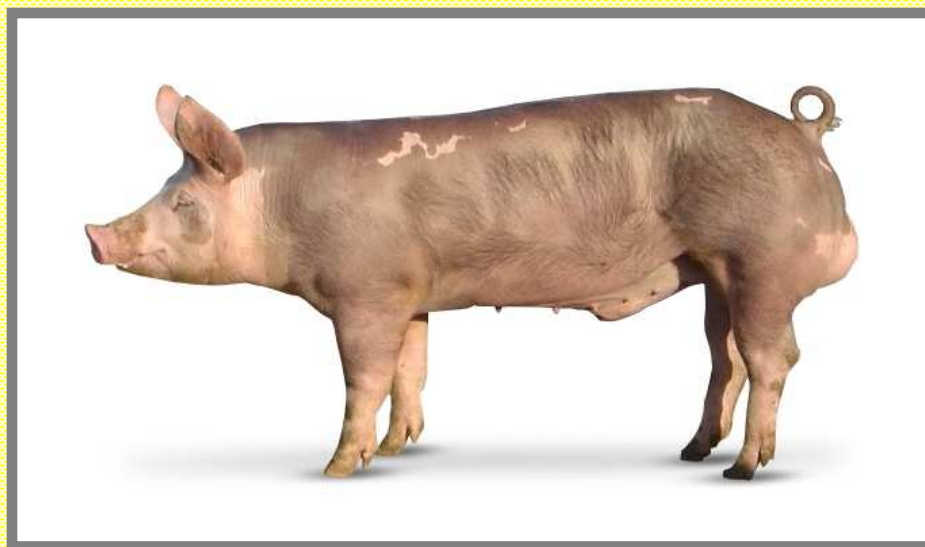
Położony na chromosomie 6.

Stwierdzona mutacja dotyczy zmiany zasady azotowej (C → T) w 1843 pozycji sekwencji nukleotydów.

Genotyp homozygotyczny pod względem genu wrażliwości na stres wpływa **ujemnie na wartość technologiczną mięsa wieprzowego**. 80% świń o genotypie *TT* wykazuje mięso obarczone wadą PSE (jasne, miękkie i wodniste).

Gen podatności świń na stres - *RYR1*

Obok niekorzystnego oddziaływania genu *RYR1* na jakość wieprzowiny, notuje się jego **pozytywny wpływ na umięśnienie tuszy**. Zarówno homozygoty, jak nosiciele tego genu wykazują istotnie wyższą zawartość mięsa w tuszy w porównaniu z odpornymi na stres homozygotami *CC*.



<http://www.polsus.pl/hodowla/wzorce-ras/pietrain>

Gen kwaśnego mięsa świń rasy hampshire - RN^- (rendement NAPOLE)

- Locus RN^- znajduje się w 15 chromosomie świni (Milan i wsp., 1995).
- Zwierzęta obciążone genem RN^- charakteryzują się **obniżoną wydajnością technologiczną** mięsa w procesie gotowania od 6% do 9,5% podczas gdy obciążone genem RNR o 2-3%.
- Jednocześnie mięso pochodzące od nosicieli genu RN^- cechuje się lepszym smakiem i aromatem.



<http://www.polsus.pl/aktualnosci?id=534>

Geny z rodziny MyoD

Cechy związane z jakością tuszy

Cecha	<i>Myf4</i>	<i>Myf5</i>
Zawartość mięsa w tuszy, %	*	ns
Mięso polędwicy, kg	*	ns
Mięso polędwicy, %	*	ns
Masa szynki, kg	ns	*
Mięso szynki, kg	ns	*

Myf3 - chromosom 2
Myf4 - chromosom 9
Myf5 - chromosom 5
Myf6 - chromosom 5

Cechy związane z jakością mięsa

Cecha	<i>Myf3</i>	<i>Myf4</i>	<i>Myf5</i>	<i>Myf6</i>
pH ₁	ns	ns	*	ns
pH _k	*	ns	ns	ns
Wodochłonność (WHC), %	ns	**	ns	ns
Swobodny wyciek soku, %	ns	*	*	**
Dominująca długość fali, nm	ns	**	ns	ns
Nasycenie, %	ns	**	ns	ns
Jasność, %	ns	**	ns	ns
Minolta, L*	ns	**	ns	ns

Gen białka wiążącego kwasy tłuszczowe w sercu - *H-FABP*

- Wykazano istotną zależność zawartości tłuszczu śródmięśniowego od genotypu świń rasy duroc w *locus* genu *H-FABP*.
- Gen *H-FABP* świni zmapowano w chromosomie 6 (Gerbens i wsp., 1997).

Cechy związane z jakością tuszy

Cecha	Genotyp <i>H-FABP/HinfI</i>		
	<i>HH</i>	<i>Hh</i>	<i>hh</i>
Tłuszcz	2,05 ^a	1,83 ^b	1,93
śródmięśniowy, %	0,13	0,15	0,27
Grubość słoniny	1,73	1,73	1,80
grzbietowej, cm	0,09	0,10	0,19
Masa mięsa, %	21,56	21,25	21,17
kg	0,36	0,42	0,74

Cecha	Genotyp <i>H-FABP/MspI</i>	
	<i>AA</i>	<i>Aa</i>
Mięsność, %	57,7 ^a	60,00 ^b
kg	2,82	2,15
Masa podstawowych	23,99 ^A	24,94 ^B
wyrębów, kg	1,22	0,87
Masa mięśnia	3,22	3,44
<i>Longissimus dorsi</i> , kg	0,46	0,31

A,B – $P < 0,01$; a,b – $P < 0,05$

Gen kolipazy - *CLPS*

- QTL odpowiedzialny za wzrost i cechy otłuszczenia został zidentyfikowany u świń mieszańców ras chińskich (Rothschild i wsp., 1995).
- Gen świńskiej kolipazy (*CLPS*) został zidentyfikowany w chromosomie 7 (Baskin i Pomp, 1998).

Polskie badania wskazały, że gen *CLPS/DdeI* istotnie kształtował:

grubość słoniny na krzyżu i średnią grubość z pięciu pomiarów

masę karkówki i masę mięsa karkówki oraz półtuszy

otłuszczenie podstawowych wyrębów tuszy

poziom zawartości tłuszczu śródmięśniowego

Gen kolipazy - CLPS

Cecha	Istotność wpływu	Grupa rasowa
Jakość tuszy		
Grubość słoniny grzbietowej, cm	*	pietrain x (wielka biała polska x polska biała zwisloucha)
Zawartość mięsa w tuszy, %	*	
Masa karkówki, kg	**	
Mięso karkówki, kg	*	
Grubość słoniny grzbietowej, mm	*	wielka biała polska
Masa polędwicy, kg	*	
Mięso polędwicy, %	*	wielka biała polska x polska biała zwisloucha
Słonina polędwicy, %	*	
Jakość mięsa		
pH _k	*	wielka biała polska
Nasylenie, %	**	
Tłuszcz śródmięśniowy, %	**	
Swobodny wyciek soku, %	*	wielka biała polska x polska biała zwisloucha
Tłuszcz śródmięśniowy	*	złotnicka pstra

Podsumowanie

- Ujawnienie potencjału rozrodczego zwierząt, który odpowiada możliwościom wynikającym z ich genotypu jest możliwy w momencie przestrzegania zaleceń żywienia, utrzymywania zwierząt w dobrym zdrowiu i zapewnienia im odpowiednich warunków zoohigienicznych.
- Pomimo dużego postępu w zakresie badań markerów genetycznych i funkcjonalnej genomice zwierząt gospodarskich, zastosowanie praktyczne dla uzyskiwanych wyników związane jest z ponoszonymi kosztami na analizę DNA.

Literatura, na podstawie której przygotowano prezentację dostępna u autora.

Hanna Jankowiak, dr inż.

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy
Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt
Zakład Hodowli Trzody Chlewnej i Koni

Adres:
ul. Mazowiecka 28
85-084 Bydgoszcz

Kontakt:
e-mail: jankowiak@utp.edu.pl
tel. (052) 374-97-48



Fot. M. Krakowiak