

**mgr inż. Błażej Nowak**

**Dziedzina** – Nauki Rolnicze

**Dyscyplina** – Zootechnika

**Data otwarcia przewodu doktorskiego** – 13.09.2016

**Temat:** Analiza mikrosatelitarnych markerów cech reprodukcyjnych loch

**Promotor:** dr hab. inż. Wojciech Kruszyński, prof. nadzw.

**Recenzenci:** 1) dr hab. inż. Maria Siwek, prof. nadzw.

2) dr hab. inż. Arkadiusz Pietruszka, prof. nadzw.

### STRESZCZENIE

Głównym celem pracy była identyfikacja polimorfizmu dwunastu markerów mikrosatelitarnych (S0008, S0064, SW160, SW245, SW460, SW472, SW714, SW903, SW1083, SW1125, SW1808 oraz SW2411) zlokalizowanych w obrębie *loci* cech ilościowych oraz wskazanie tych, które mogą znaleźć zastosowanie w pracy hodowlanej prowadzącej do poprawy wybranych cech reprodukcyjnych loch. Szczegółowymi celami pracy były natomiast: oszacowanie wartości wskaźników użytkowości rozplodowej loch związanych z wielkością miotu (m. in. liczba prosiąt urodzonych w miocie ogółem, liczba prosiąt urodzonych żywych i martwych, liczba prosiąt odsadzonych) oraz długością cyklu reprodukcyjnego (długość ciąży i laktacji, długość okresu jałowienia, długość okresu międzyciążowego i międzymiotu), określenie zróżnicowania tych wskaźników w zależności od genotypu w obrębie danego markera oraz obliczenie współczynników korelacji fenotypowych pomiędzy analizowanymi cechami reprodukcyjnymi.

Badaniami objęto 196 loch ras wielka biała polska (45 osobników), polska biała zwisłoucha (37 osobników), yorkshire (40 osobników), duroc (33 osobniki), berkshire (26 osobników) oraz hampshire (15 osobników). Zwierzęta pochodziły z trzech ferm, z których dwie zlokalizowane były na ternie Polski, natomiast trzecia znajdowała się w stanie Teksas (USA). Dane dotyczące użytkowości rozplodowej uzyskano z dokumentacji hodowlanej prowadzonej na każdej z analizowanych ferm.

Liczba alleli w analizowanych *loci* wahała się do trzech (SW160 i SW472) do dziesięciu (SW460), natomiast liczba genotypów od czterech (SW472) do trzynastu (SW460). Średnie wartości bogactwa allelicznego dla poszczególnych ras, z uwzględnieniem wszystkich

badanych *loci* mikrosatelitarnych, były niskie i mieściły się w przedziale od 2,16 (rasy berkshire i duroc) do 2,36 (rasa wbp). Pomiedzy rasami stwierdzono różnicowanie w wartościach wszystkich analizowanych cech reprodukcyjnych, z wyjątkiem liczby prosiąt martwo urodzonych oraz długości okresu jałowienia. Lochy ras wbp i pbz w sposób istotny statystycznie różniły się od wszystkich pozostałych loch pod względem liczby prosiąt urodzonych w miocie ogółem, urodzonych żywych i odsadzonych. Wyniki te znalazły potwierdzenie w przeprowadzonej analizie głównych składowych PCA. Dla dziesięciu spośród dwunastu analizowanych markerów (z wyjątkiem SW460 i SW903) stwierdzono różnicowanie cech reprodukcyjnych w zależności od genotypu samicy. Analiza PCA najwięcej istotnych statystycznie różnic wykazała dla markerów S0008, S0064, SW245, SW1125 i SW1808. Najsilniejsze dodatnie korelacje stwierdzono między długością cyklu reprodukcyjnego a długością okresu międzyciążowego (0,98), długością okresu jałowienia a długością okresu międzyciążowego (0,97) i międzymiotu (0,96) oraz liczbą prosiąt urodzonych w miocie ogółem a liczbą prosiąt urodzonych żywych (0,90). Najsilniejszą korelację ujemną wykazano między odsetkiem prosiąt żywo i martwo urodzonych (-0,95).

## ABSTRACT

The aim of the study was to identify the polymorphism of twelve microsatellite markers (S0008, S0064, SW160, SW245, SW460, SW472, SW714, SW903, SW1083, SW1125, SW1808 and SW2411) located within QTL; to estimate reproductive traits and the value of reproduction performance indicators associated with sows litter size (e.g., total number born, number born alive and stillbirth, number of weaned) but also the length of reproductive cycle (pregnancy and lactation length, length of weaning to service interval, length of the inter-pregnancy period). Then determining the diversity of these indicators depending on the genotype within a given marker and calculation of phenotype correlation coefficients between the analyzed reproductive traits.

The study included 196 sows of six breeds: Polish Large White (45 individuals), Polish Landrace (37 individuals), Yorkshire (40 individuals), Duroc (33 individuals), Berkshire (26 individuals) and Hampshire (15 individuals). The animals were kept in three farms - two were located in Poland, while the third one was in the state of Texas (USA). Data on breeding performance were obtained from breeding documentation kept on each of the analyzed farms.

The number of alleles in the analyzed *loci* ranged from three (SW160 and SW472) to ten (SW460), while the number of genotypes ranged from four (SW472) to thirteen (SW460). The average values of allelic richness for individual races, including all studied microsatellite *loci*, were low and ranged from 2.16 (Berkshire and Duroc races) to 2.36 (PLW race). Different breeds showed differences in the values of all analyzed reproductive traits, except for number of stillbirth and weaning to service interval. The sows of the PLW and PL breeds were statistically significantly different from all other sows in the total number born, number born alive and number weaned. These results were confirmed in the Principal Component Analysis (PCA). For ten of the twelve microsatellite markers analyzed (except SW460 and SW903), variation in reproductive characteristics was found depending on the genotype. PCA analysis showed the most statistically significant differences for markers S0008, S0064, SW245, SW1125 and SW1808. The strongest positive correlations were found between the length of the reproductive cycle and the length of the inter-pregnancy period (0,98). Weaning to service interval was strongly correlated with the length of the inter-pregnancy period (0,97) and reproduction cycle length (0,96). For traits related to litter size, the strongest correlations were shown between the total number born and number of live born piglets (0,90), while the strongest negative correlation was found between the percentage of live born and stillborn piglets.

Grzegorz Kowak