

Struktura genetyczna populacji loch rasy pbz i wbp w locus *RYRI*, *ESR* i *IGF1R*

Maria Bogdzińska

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy, Wydział Hodowli i Biologii Zwierząt,
Katedra Genetyki i Podstaw Hodowli Zwierząt,
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

Badaniami objęto ogółem 333 lochy, w tym 160 rasy pbz (polska biała zwisłoucha) i 173 rasy wbp (wielka biała polska). Badane osobniki pochodziły z 12 stad zarodowych regionu kujawsko-pomorskiego. Genotypy pod względem genu *RYRI*, *ESR* oraz *IGF1R* zidentyfikowano metodą PCR-RFLP. Określono frekwencję alleli i genotypów w badanych grupach rasowych oraz udział poszczególnych genotypów w analizowanych stadach. W badanej grupie loch stwierdzono występowanie dwóch genotypów (CC i CT) pod względem genu *RYRI* u rasy pbz, jak i wbp. W grupie loch rasy pbz obserwowano nieco większy udział homozygot odpornych na stres (0,5750) niż heterozygot (0,4250). Wśród loch rasy wbp zdecydowanie częściej występował genotyp CC (0,9306). Analizując strukturę genetyczną pod względem występowania genotypów i alleli *ESR*, stwierdzono zróżnicowanie między badanymi rasami. Wśród loch rasy pbz i wbp zaobserwowano występowanie genotypu AB z częstością wynoszącą odpowiednio 0,5688 i 0,5087. Najniższą frekwencję odnotowano w stosunku do genotypu AA (0,1688) wśród loch rasy pbz oraz genotypu BB (0,0809) w rasie wbp. Spośród trzech genotypów pod względem receptora genu *IGF1R* zdecydowanie częściej 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.

SŁOWA KLUCZOWE: rasa pbz i wbp / struktura genetyczna / genotypy *RYRI*, *ESR/PvuII*, *IGF1R*

Poznanie struktury genetycznej populacji pod względem genów warunkujących cechy szczególnie ważne z hodowlanego punktu widzenia, daje hodowcy możliwość wpływania na produktywność utrzymywanych zwierząt. W hodowli zwierząt z reguły stosuje się dobór osobników w pary rodzicielskie, co prowadzi do preferowania określonych genotypów. Wybór zwierząt, które hodowca zamierza pozostawić do hodowli również powoduje preferowanie genów korzystnych, a eliminowanie z populacji genów niepożądanych. Selekcja i dobór zwierząt powodują zmiany w strukturze genetycznej populacji, co daje możliwość wpływania na produktywność zwierząt.

Celem pracy było określenie struktury genetycznej grupy loch rasy wbp i pbz pod względem genów *RYRI*, *ESR/PvuII* i *IGFIR* oraz udziału poszczególnych genotypów w analizowanych stadach loch.

Materiał i metody

Badaniami objęto ogółem 333 lochy, w tym 160 rasy pbz i 173 rasy wbp. Badane osobniki pochodziły z 12 stad zarodowych, będących pod kontrolą Polskiego Związku Hodowców i Producentów Trzody Chlewnej POLSUS regionu kujawsko-pomorskiego.

Genotypy pod względem genu *RYRI* (receptora rianodiny), *ESR* (receptora steroidowego hormonu płciowego estrogenu) oraz *IGFIR* (czynnika wzrostu insulinopodobnego 1) zidentyfikowano metodą PCR-RFLP.

W przypadku genu *RYRI* amplifikowano fragment DNA długości 134 pz, stosując startery według Breninga i Brema [4]. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *Hin6I*, a następnie rozdzielono w 3% żelu agarozowym, otrzymując fragmenty restrykcyjne: 134 pz – genotyp TT, 84 i 50 pz – genotyp CC oraz 134, 84 i 50 pz – genotyp CT [5, 12].

Identyfikując gen *ESR* amplifikowano fragment 120 pz. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *PvuII*. Fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 4% żelu agarozowym, otrzymując następującej długości fragmenty: 120 pz – genotyp AA, 65 i 55 pz – genotyp BB oraz 120, 65 i 55 pz – genotyp AB [13].

Genotypy pod względem receptora genu *IGFIR* zidentyfikowano amplifikując fragment 379 pz. Produkt PCR poddano działaniu enzymu restrykcyjnego *ASCI* (*Cfr*:42I), a fragmenty restrykcyjne rozdzielono w 2% żelu agarozowym. Otrzymano następującej długości fragmenty restrykcyjne: 379 pz – genotyp AA, 235 i 144 pz – genotyp BB oraz 379, 235 i 144 pz – genotyp AB [14].

Długość fragmentów restrykcyjnych identyfikowano w oparciu o marker długości DNA pUC19/*MspI*.

Określono frekwencję poszczególnych alleli oraz obserwowaną i oczekiwaną frekwencję genotypów dla badanych grup rasowych. Wykorzystując test χ^2 określono zrównoważenie genetyczne badanych grup rasowych loch. Określono udział poszczególnych genotypów w analizowanych stadach loch.

Wyniki i dyskusja

W tabeli 1 przedstawiono wyniki dotyczące częstości występowania alleli i genotypów w grupie loch należących do rasy pbz i wbp pod względem genów *RYRI*, *ESR/PvuII* oraz receptora genu *IGFIR*.

W badanej grupie loch stwierdzono występowanie homozygot odpornych na stres CC i heterozygot CT pod względem genu *RYRI*, zarówno wśród matek rasy pbz jak i wbp. W obu grupach loch należących do różnych ras nie zaobserwowano homozygot recesywnych. W grupie loch rasy pbz obserwowano nieco większy udział homozygot odpornych na stres (CC) w porównaniu z heterozygotami (CT). Wśród loch rasy wbp

Tabela 1 – Table 1

Frekwencja alleli i genotypów w badanej grupie loch rasy polskiej białej zwisłouchej (pbz) i wielkiej białej polskiej (wbp)

Frequency of alleles and genotypes in the Polish Landrace (PL) and Polish Large White (PLW) sow population researched

Gen Gene	Frekwencja Frequency	Rasa pbz – PL breed n = 160			Rasa wbp – PLW breed n = 173			
		licze- bność number	frekwencja obserwowana observed frequency	frekwencja oczekiwana expected frequency	licze- bność number	frekwencja obserwowana observed frequency	frekwencja oczekiwana expected frequency	
<i>RYR1</i>	genotyp	CC	92	0,5750 ^a	0,6202 ^a	161	0,9306	0,9318
	genotyp	CT	68	0,4250 ^a	0,3347 ^a	12	0,0694	0,0670
		TT	0	0,0000 ^a	0,0451 ^a	0	0,0000	0,0012
	allel	C		0,7875			0,9653	
	allele	T		0,2125			0,0347	
<i>ESR/PvuII</i>	genotyp	AA	27	0,1688	0,2054	71	0,4104	0,4420
	genotyp	AB	91	0,5688	0,4957	88	0,5087	0,4457
		BB	42	0,2625	0,2991	14	0,0809	0,1123
	allel	A		0,4532			0,6648	
	allele	B		0,5469			0,3352	
<i>IGF1R</i>	genotyp	AA	117	0,7313	0,7174	150	0,8671	0,8554
	genotyp	AB	37	0,2313	0,2592	20	0,1156	0,1389
		BB	6	0,0375	0,0234	3	0,0173	0,0056
	allel	A		0,8470			0,9249	
	allele	B		0,1530			0,0751	

χ^2 tab 0,05=5,99; 0,01=9,21;
a – $\chi^2=7,28$

zdecydowanie najczęściej występował genotyp CC. Obserwowana frekwencja genotypów, zwłaszcza genotypów heterozygotycznych, wpłynęła na częstość alleli. W badanej grupie loch rasy pbz częstość allelu C wynosiła 0,7875, a recesywnego T – 0,2125. Wśród loch rasy wbp frekwencja allelu C była zdecydowanie wyższa niż u loch rasy pbz i wynosiła 0,9653, a allelu T zdecydowanie niższa – 0,0347 (tab. 1).

Częstość występowania allelu T genu *RYR1* w populacji kształtuje się bardzo różnie w zależności od rasy. U świń rasy landrace udział genotypu CC stanowił 71,3%; CT – 27,3%, a TT – 1,4%, zaś frekwencja allelu C – 0,849, a allelu T – 0,151 [8]. Z kolei Beckova i wsp. [1], badając lochy landrace w Republice Czeskiej, stwierdzili, że genotyp $RYR1^C RYR1^C$ stanowi 97,9%, zaś $RYR1^C RYR1^T$ – 2,1%. Natomiast u landrace norweskiego frekwencja genotypu $RYR1^C RYR1^C$ wynosiła 95,6%, a $RYR1^C RYR1^T$ – 4,4%. Bogdzińska, badając lochy rasy wbp stwierdziła częstość allelu C – 0,92, a allelu T – 0,08, natomiast wśród loch rasy pbz, odpowiednio 0,75, i 0,25 [3]. Wśród loch rasy wielkiej białej obserwowano genotypy z częstością: CC – 0,76, CT – 0,14, TT – 0,10 i frekwencję allelu C wynoszącą 0,83, a allelu T – 0,17 [16]. Z kolei Żurkowski i wsp. stwierdzili u rasy wbp częstość allelu C – 0,78, a T – 0,22 [22].

Analiza struktury genetycznej populacji knurów użytkowanych w stacjach inseminacyjnych, wykazała wśród knurów rasy pbz frekwencję alleli genu *RYRI* wynoszącą 0,89 dla C i 0,11 dla T. Z kolei wśród knurów rasy wbp nie obserwowano w ogóle homozygot wrażliwych na stres, co wpłynęło na bardzo niską frekwencję allelu T, wynoszącą 0,02, i wysoką allelu C – 0,98 [11].

Analizując strukturę genetyczną pod względem występowania genotypów i alleli *ESR*, stwierdzono zróżnicowanie między badanymi rasami. W grupie loch rasy pbz i wbp najliczniej występował genotyp AB, którego frekwencja wynosiła odpowiednio 0,5688 i 0,5087 (tab. 1). Najmniejszy udział odnotowano w stosunku do genotypu AA (0,1688) wśród loch rasy pbz, a w rasie wbp genotypu BB (0,0809). W związku z tym obserwowano częstość allelu A w rasie pbz wynoszącą 0,4532, a w rasie wbp – 0,6648 (tab. 1).

W dostępnej literaturze przedmiotu opisano frekwencję genotypów w locus *ESR/PvuII* w odniesieniu do rasy pbz i landrace. W badanych grupach świń obserwowano wysoki udział genotypu AA, wynoszący od 84,3% [19] do 100% [1], a bardzo niski genotypu BB [1, 6, 7, 19, 20]. Z kolei wśród świń rasy wielkiej białej zdecydowanie częściej występował genotyp AB, a najmniej licznie genotyp BB [2, 9, 10, 20]. Wśród mieszańców F₁ pochodzących z krzyżowania knurów rasy złotnickiej pstrej z lochami rasy wielkiej białej polskiej obserwowano w locus *ESR/PvuII* frekwencję allelu A wynoszącą 71,8% i B – 28,2% [15].

Z kolei spośród trzech genotypów pod względem receptora genu *IGF1R* zdecydowanie najczęściej w obu rasach obserwowano genotyp AA, którego częstość u loch rasy pbz wynosiła 0,7313, a rasy wbp – 0,8671. W obu rasach odnotowano bardzo niewielki udział genotypu BB. W grupie loch rasy pbz obserwowano frekwencję allelu A wynoszącą 0,8470 i genu B – 0,1530. W badanej grupie loch rasy wbp częstość allelu A wynosiła 0,9249, a allelu B – 0,0751 (tab. 1).

Porównując frekwencję genotypów obserwowaną z oczekiwaną stwierdzono, że badane grupy loch rasy pbz i wbp znajdowały się w stanie równowagi genetycznej w locus *ESR/PvuII* i *IGF1R*. Z kolei w locus *RYRI* odnotowano istotne różnice pomiędzy częstością genotypów obserwowaną i oczekiwaną w grupie loch rasy pbz, co świadczy o braku równowagi genetycznej w tej grupie loch. Natomiast badana grupa loch rasy wbp w locus *RYRI* była w stanie równowagi genetycznej (tab. 1).

Powyższa charakterystyka struktury genetycznej dotyczy badanej grupy loch rasy pbz i wbp. Należy zwrócić uwagę, że w poszczególnych stadach loch należących do rasy pbz i wbp udział genotypów względem trzech analizowanych genów był bardzo zróżnicowany, co przedstawiono w tabeli 2 i 3.

W tabeli 2 podano procentowy udział poszczególnych genotypów w każdym z analizowanych sześciu stad loch rasy pbz, z uwzględnieniem trzech analizowanych genów.

Pożądanym genotypem *RYRI* jest homozygota odporna na stres (CC). Największy procentowy udział tego genotypu odnotowano w stadzie nr 6 (73,91%), a najmniejszy w stadzie nr 1 (50,00%). Stalder[21], w populacji loch rasy landrace utrzymywanych w 9 stadach, stwierdził frekwencję allelu wrażliwości na stres (T) od 0,07 do 0,28.

Tabela 2 – Table 2
 Udział genotypów w badanych stadach loch rasy pbz
 Share of genotypes in the PL breed sow herds researched

Nr gosp. Farm no	Miara Measurement	Genotyp <i>RYRI</i>		Genotyp <i>ESR</i>			Genotyp <i>IGFIR</i>			Stado Herd n
		Genotype <i>RYRI</i>		Genotype <i>ESR</i>			Genotype <i>IGFIR</i>			
		CC	CT	AA	AB	BB	AA	AB	BB	
1	ilość – number %	10 50,00	10 50,00	5 25,00	14 70,00	1 5,00	13 65,00	3 15,00	4 20,00	20 100,00
2	ilość – number %	14 56,00	11 44,00	10 40,00	10 40,00	5 20,00	19 76,00	6 24,00	– –	25 100,00
3	ilość – number %	26 52,00	24 48,00	2 4,00	21 42,00	27 54,00	46 92,00	3 6,00	1 2,00	50 100,00
4	ilość – number %	15 62,50	9 37,50	9 37,50	15 62,50	– –	18 75,00	6 25,00	– –	24 100,00
5	ilość – number %	10 55,56	8 44,44	1 5,56	10 55,56	7 38,89	7 38,89	11 61,11	– –	18 100,00
6	ilość – number %	17 73,91	6 26,09	– –	21 91,30	2 8,70	14 60,87	8 34,78	1 4,35	23 100,00
Łącznie Total	ilość – numer %	92 57,50	68 42,50	27 16,88	91 56,88	42 26,25	117 73,13	37 23,13	6 3,75	160 100,00

Z kolei wśród genotypów pod względem genu *ESR* najbardziej pożądanym jest genotyp BB, który wpływa korzystnie na cechy rozrodcze loch. Genotyp ten najczęściej obserwowano w stadzie nr 3, natomiast w stadzie nr 4 nie odnotowano żadnej lochy o tym genotypie (tab. 2).

Należy zauważyć, że genotyp AA pod względem receptora genu *IGFIR* występował najczęściej w stadzie nr 3 (92,00%), a najmniej licznie w stadzie nr 5 (38,89%). Genotyp AB najliczniej był reprezentowany w stadzie 5. (61,11%), a najmniej licznie w stadzie 3. (6,00%). Genotyp BB obserwowano najczęściej w stadzie nr 1 (20,00%), a w trzech stadach (nr 2, 4, 5) nie występował w ogóle (tab. 2).

W tabeli 3 podano frekwencję genotypów w stadach loch rasy wbp wyznaczanych allelami loci *RYRI*, *ESR* oraz *IGFIR*.

Wśród loch rasy wbp w dwóch stadach (nr 5 i 6) nie odnotowano obecności heterozygot pod względem genu *RYRI*. Największy udział heterozygot stwierdzono w stadzie nr 2 (18,42%) – tabela 3.

Matousek i wsp., badając występowanie genu *RYRI* w dwóch stadach loch rasy wielkiej białej, nie stwierdzili obecności homozygot wrażliwych na stres, natomiast przeważały homozygoty odporne – 94,94% (stado A) i 90,97% (stado B). Pozostałe lochy były heterozygotami. Frekwencja allelu odporności na stres wynosiła odpowiednio 0,975 i 0,954, a wrażliwości – 0,025 oraz 0,045 [18].

Tabela 3 – Table 3

Udział genotypów w badanych stadach loch rasy wbp
Share of genotypes in the PLW breed sow herds researched

Nr gosp. Farm no	Miara Measurement	Genotyp <i>RYRI</i>		Genotyp <i>ESR</i>			Genotyp <i>IGFIR</i>			Stado Herd n
		Genotype <i>RYRI</i>		Genotype <i>ESR</i>			Genotype <i>IGFIR</i>			
		CC	CT	AA	AB	BB	AA	AB	BB	
1	ilość – number %	28 93,33	2 6,67	16 53,33	13 43,33	1 3,33	21 70,00	7 23,33	2 6,67	30 100,00
2	ilość – number %	31 81,58	7 18,42	11 28,95	27 71,05	– –	38 100,00	– –	– –	38 100,00
3	ilość – number %	26 96,30	1 3,70	14 51,85	6 22,22	7 25,93	17 62,96	9 33,33	1 3,70	27 100,00
4	ilość – number %	28 93,33	2 6,67	22 73,33	6 20,00	2 6,67	26 86,67	4 13,33	– –	30 100,00
5	ilość – number %	18 100,00	– –	8 44,44	8 44,44	2 11,11	18 100,00	– –	– –	18 100,00
6	ilość – number %	30 100,00	– –	– –	28 93,33	2 6,67	30 100,00	– –	– –	30 100,00
Łącznie Total	ilość – number %	161 93,06	12 6,94	71 41,04	88 50,87	14 8,09	150 86,71	20 11,56	3 1,73	173 100,00

Z kolei pod względem genotypu *ESR* największy udział genotypu BB występował w stadzie nr 3 (25,93%), a w ogóle nie stwierdzono tego genotypu wśród loch stada nr 2. Natomiast homozygot AA nie obserwowano w stadzie nr 6, a w stadzie nr 4 odnotowano ich najwięcej (73,33%). Także pod względem udziału heterozygot obserwowano znaczne różnice między stadami – od 20,00% (stado nr 4) do 93,33% (stado nr 6) – tabela 3.

Matousek i wsp. stwierdzili częstość allelu C *ESR* 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% [17, 18].

W analizowanych stadach zaobserwowano najmniejsze zróżnicowanie pod względem genotypu *IGFIR*, ponieważ aż w trzech stadach (nr 2, 5 i 6) występowały lochy tylko o genotypie AA. Najliczniej heterozygoty występowały w stadzie nr 3 (33,33%). Nieliczne lochy o genotypie BB pojawiły się w stadzie nr 1 (6,67%) i w stadzie nr 3 (3,70%) – tabela 3.

Obserwowane frekwencje alleli i genotypów w populacji loch ras pbz i wbp nie odbiegały od rezultatów innych autorów, zajmujących się tym problemem.

W badanej grupie loch nie stwierdzono obecności homozygot wrażliwych na stres pod względem genu *RYRI*, a frekwencja poszczególnych genotypów i alleli różniła się w grupie loch rasy pbz i wbp. Frekwencja genotypu BB *ESR/PvuII* była zdecydowanie

niższa wśród loch rasy wbp. Natomiast najczęściej występującym genotypem pod względem receptora genu *IGF1R* w obu rasach był genotyp AA.

PIŚMIENICTWO

1. BECKOVA R., DWORAK J., DANEK P., ROZKOT M., 2002 – Genetic fertility markers in landrace pigs in the Czech Republic. *Ann. Anim. Sci.*, Suppl., No 2, 103-108.
2. BOGDZIŃSKA M., 2004 – ESR gene polymorphism and selected reproductive traits of Polish Large White sows. *Animal Science Papers and Reports* 22, 7-11.
3. BOGDZIŃSKA M., 2004 – Effect of the RYR1 gene polymorphism on selected reproductive traits of Polish Large White and Polish Landrace sows. *Animal Science Papers and Reports* 22, 13-17.
4. BREINIG B., BREINIG G., 1992 – Molecular cloning and analysis of the porcine halothane gene. *Archiv Tierzucht* 35, 1/2, 129-135.
5. 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.
6. GOLIASOVA 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.
7. GOLIASOVA 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.
8. 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.
9. 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.
10. ISLER B.J., IRVIN K.M., NEAL S.M., MOELLER S.J., DAVIS M.E., MEEKER D.L., 2002 – Examination of the relationship between the estrogen receptor gene and reproductive tract components in swine. *J. Animal Sci.* 80 (9), 2334-2339.
11. KAMIŃSKI S., WÓJCIK E., RUŚĆ A., BRYM P., 2002 – Allele frequency in ryanodine receptor (RYR1) locus in boars of different breeds. *Ann. Anim. Sci.*, Suppl., No 2, 33-35.
12. KMIEĆ M., DWORAK J., VRTKOVA 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. *Animal Science Papers and Reports*, vol. 18, no 4, 277-283.
13. KMIEĆ M., DWORAK J., VRTKOVA 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, 189-193.
14. KOPEČNY 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.
15. 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. *Animal Science Papers and Reports*, vol. 17 no 4, 155-161.
16. LIU GUI QIONG, DING JIA TONG, JIANG XUN PING, ZHANG MU, 2002 – Effects of RYR1 gene on reproductive traits of Large White sow. *Chinese Journal of Veterinary Science* 22 (4), 392-394.

17. MATOUSEK V., KERNEROVA N., VRTKOVA I., KRALOVA P., 2002 – The influence of RYR1 and ESR genotypes on fertility. *Ann. Anim. Sci.*, Suppl., No 2, 57-61.
18. MATOUSEK V., KERNEROVA N., KOLARIKOVA O., KRIZOVA H., URBAN T., VRTKOVA I., 2003 – Effect of RYR1 and ESR genotypes on the fertility of sows Large White breed in elite herds. *Czech J. Anim. Sci.* 48 (3), 129-133.
19. NATOŁOCZNA-KOTARA A., JASEK S., VRATKOVA I., 1999 – Związek między polimorfizmem (ESRII) w genie receptora estrogenowego a wybranymi parametrami produkcyjnymi świń. *Zeszyty Naukowe Akademii Rolniczej w Krakowie* 352, 221-226.
20. NATOŁOCZNA-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.
21. STALDER K.J., CHRYSTIAN 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. ¹
22. ŻURKOWSKI M., KURYŁ J., RÓŻYCKI M., KAMYCZEK M., JANIK A., DUNIEC M., KORWIN-KOSSAKOWSKA A., NIEMCZEWSKI C., CZERWIŃSKI S., BUCZYŃSKI J., 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. *Animal Science Papers and Reports*, vol. 13, no 2/3, 105-114.

Maria Bogdzińska

Genetic structure of the population of sows Polish Landrace and Polish Large White in locus RYR1, ESR and IGF1R

S u m m a r y

The investigation covered a total of 333 sows, including 160 Polish Landrace (PL) sows and 173 Polish Large White (PLW) sows. The animals originated from 12 reproductive herds of the Kujawy and Pomorze Region. Genotypes for RYR1, ESR and IGF1R genes were identified with the PCR-RFLP method. The frequency of alleles and genotypes for the breed group examined and the share of respective genotypes in the analyzed herds were defined. In the sow population there were found two genotypes (CC and CT) for RYR1 gene both for PL and PLW breed mothers. In groups of PL sows a slightly greater share of stress resistant homozygotes (0.5750) was observed as compared with heterozygotes (0.4250), while in PLW sows genotype CC was much more frequent (0.9306) than in PL breed. Analyzing the genetic structure of examined sows' population for occurrence of genotypes and ESR genes, a variation between breeds was observed. In the PL and PLW sow group AB genotype was most frequent; its frequency was 0.5688 and 0.5087, respectively. The lowest frequency was noted for genotype AA (0.1688) among PL sows, while genotype BB (0.0809) among PLW. Among three genotypes examined for their gene IGF1R receptor, definitely most frequent in both breeds was genotype AA; its frequency among PL sows was 0.7313 and for PLW sows – 0.8671. In both breeds only a slight share of genotype BB was noted. Among PL sows allele A frequency was 0.8470 and allele B – 0.1530, while in population of PLW sows estimated frequency of allele A was 0.9249 and allele B – 0.0751. In respective sow herds of PL and PLW breeds the share of genotypes and their three analyzed genes varied considerably.