

1. STRESZCZENIE

Ogólne otłuszczenie świni jest kształtowane przez wiele cech, do których należą między innymi grubość słoniny, zawartość tłuszczu śródmięśniowego czy masa sadła trzewnego. Wspomniane powyżej cechy, w porównaniu do innych cech produkcyjnych charakteryzują się wysoką zmiennością nawet w kontrolowanych warunkach chowu i żywienia, co skłania badaczy do poszukiwania ich genetycznego podłoża. Ponadto należą one do cech wysoko odziedziczalnych, co sprawia, że są bardziej użyteczne przy doborze zwierząt do kojarzeń, co jest kluczowe dla realizowanych na całym świecie programów hodowlanych. W niniejszym projekcie poddano analizie zależność pomiędzy wariantami polimorficznymi genów kandydujących dla cech otłuszczenia a dystrybucją tłuszczu w organizmie świni domowej. Badania przeprowadzono na próbie 641 loszek, w skład której wchodziły dwie rasy mateczne: wielka biała polska (wbp, n=192) i polska biała zwistoucha (pbz, n=232) oraz linia ojcowska 990 (n=217). W celu ukazania predyspozycji co do miejsca akumulacji tkanki tłuszczowej zdefiniowano nową cechę fenotypową – „Profil otłuszczenia”. Z zastosowaniem standaryzacji danych oraz metody k-średnich zdefiniowano łącznie osiem zestawów profili otłuszczenia. Każdy zestaw składał się z dwóch profili (Profil 1 i 2), bazujących na ustandaryzowanych cechach otłuszczenia. Zestawy zostały zdefiniowane dla wszystkich ras łącznie (Zestawy 1 i 2) oraz oddzielnie dla każdej z ras (Zestawy: 1A, 1B, 1C, 2A, 2B i 2C). Zestawy 1-1C bazowały na 8 cechach otłuszczenia tj. masie tłuszczu trzewnego oraz pomiarach grubości słoniny w 7 różnych punktach na tuszy i dotyczyły całej próby zwierząt (n=641). Zestawy 2-2C charakteryzowały się tym, że uwzględniały dodatkową cechę – zawartość tłuszczu śródmięśniowego i dotyczyły mniejszej liczby zwierząt (n=341), pochodzących z tej samej próby. Oszacowane współczynniki odziedziczalności dla rasowych zestawów profili otłuszczenia zawierały się w przedziale 0,20–0,56, co ukazuje, iż profil otłuszczenia może być cechą użyteczną w selekcji. Analiza statystyczna wykazała 13 asocjacji ($P < 0,05$) dla 11 miejsc polimorficznych, zlokalizowanych w 7 genach (*ADRB3*: rs196955144; *CART*: rs326460883; *FABP3*: *HinfI*, *MspI*, *HaeIII*, g.701T>C; *FASN*: c.-2908G>A, c.*42_43insCCCCA; *IL6*: g.61T>C; *LEPR*: (CA)_nCG(CA)_n; *MC4R*: rs81219178). Powyższe wyniki nie powtórzyły się (q -wartość > 0,05) po zastosowaniu metody dla porównań wielokrotnych (metoda FDR). Niemniej jednak wskazują one na pewne tendencje, które

podobnie jak oszacowane współczynniki odziedziczalności, należałoby poddać dalszej weryfikacji na większej próbie zwierząt.

Pobiedziska, dn. 15.03.2021r.

Stawomir Szalkowski