Badania cytogenetyczne i molekularne w hodowli zachowawczej świń rasy puławskiej

MAREK BABICZ, BARBARA DANIELAK-CZECH*, ANNA KOZUBSKA-SOBOCIŃSKA*, IWONA ŁUSZCZEWSKA-SIERAKOWSKA**, AGATA WAWRZYŃIAK***, AGNIESZKA M. GRZEBALSKA****, KINGA KROPIWIEC-DOMAŃSKA

Katedra Hodowli i Technologii Produkcji Trzody Chlewnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin

*Dział Genomiki i Biologii Molekularnej Zwierząt, Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy, ul. Krakowska 1, 32-083 Balice

**Katedra Anatomii Człowieka, Zakład Anatomii Prawidłowej, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, ul. Jaczewskiego 4, 20-090 Lublin

***Katedra Anatomii i Histologii Zwierząt, Wydział Medycyny Weterynaryjnej, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 12, 20-950 Lublin

****Klinika Nefrologii, Uniwersytet Medyczny w Lublinie, ul. K. Jaczewskiego 8, 20-090 Lublin

Otrzymano 10.02.2017

Zaakceptowano 03.04.2017

Babicz M., Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Łuszczewska-Sierakowska I., Wawrzyński A., Grzebalska A. M., Kropiwek-Domańska K.

Cytogenetic and molecular studies in conservation breeding of Pulawska breed pigs

Summary

The paper presents the genetic characteristics of Pulawska breed pigs carried out on the basis of cytogenetic and molecular studies. Among chromosome markers, polymorphic variants of specific chromosome structures such as centromeric heterochromatin areas (C bands) and nucleolar organizing regions (NOR bands) were taken into account. The described breed-specific tendencies concerning size polymorphism of these structures are the source of chromosome markers that are useful for identifying the linkage with genes controlling important production traits. On the other hand, molecular studies presented in this work included DNA markers of the STR and SNP type (with particular consideration of the PRL, FST, MC4R, TNNT3, MTP and DIO3 genes), which are useful in determining the genetic background of functional traits, as well as the characteristics of the breeds for terms of genetic variation, especially conservative breeds, where it is appropriate to maintain the existing genetic diversity and intra-breed variability.

Keywords: Pulawska breed pigs, polymorphism, chromosome markers, DNA markers

Głównym zadaniem hodowli świń ras zachowawczych jest utrzymanie odpowiedniego poziomu zmienności genetycznej cech użytkowych w obrębie niewielkich populacji aktywnych loch i knurów. Rasy te różnią się od obecnie preferowanych trendów użytkowych, jednak utrzymywane są jako rezerwa genetyczna ze względu na szereg korzystnych cech, takich jak: wysoka jakość mięsa, odporność na czynniki stresogenne, możliwość utrzymania w warunkach ekstensywnych, wysoki poziom cech macierzyńskich, łagodny temperament. Pod względem użytkowym świni rasy puławskiej spełniają kryteria standardu hodowlanego komponentu matecznego, gdyż charakteryzują się wysoką płodnością, plennością, wczesną dojrzałością rozplodową i dobrymi cechami macie-

rzyńskimi. Określenie potencjału genetycznego świń rasy puławskiej, w oparciu o badania cytogenetyczne i molekularne, umożliwi doskonalenie metod selekcji, które mogą gwarantować uzyskanie większego postępu hodowlanego.

Charakterystyka świń rasy puławskiej na podstawie markerów chromosomowych

Istotne znaczenie dla poznania wartości genetycznej gatunku *Sus scrofa domestica*, a także charakterystyki genetycznej poszczególnych ras świń, ma analiza cytogenetyczna dotycząca budowy i organizacji kariotypu. Stale doskonalone techniki cytogenetyczne, wzbogacone metodami genetyki molekularnej, umożliwiają precyzyjną identyfikację mutacji chromosomowych

(5). Z publikacji na temat cytogenetyki weterynaryjnej wynika, że zarówno klasyczne techniki prążkowe, jak i metody hybrydyzacji *in situ* są niezbędnymi elementami badań genomu zwierząt hodowlanych (7, 12). Badania te dotyczą głównie kontroli prawidłowości kariotypu i diagnozy rearanżacji chromosomowych, a także porównawczych analiz międzygatunkowych oraz fizycznej lokalizacji określonych fragmentów DNA umożliwiających konstrukcję cytogenetycznych map gatunkowych i międzygatunkowych (4, 8, 13, 14, 20). W tym aspekcie wiarygodna ocena kariotypu jest jednym z podstawowych wymogów kwalifikowania świń do użytkowania w rozrodzie, a cytogenetyczne badania przesiewowe pozwalają na wykrycie i wczesną eliminację z hodowli zwierząt obciążonych dziedzicznymi aberracjami chromosomowymi (5, 21). Wady te powodują znaczące obniżenie wskaźników płodności i produkcyjności stad hodowlanych, a w konsekwencji wymierne straty finansowe. Przyczyną strukturalnych zmian kariotypowych są zaburzenia procesu gametogenezy spowodowane nieprawidłową koniugacją i segregacją nietypowych struktur chromosomowych, co prowadzi do powstawania gamet, a po ich zapłodnieniu zarodków o nie zrównoważonym kariotypie, które eliminowane są we wczesnych etapach rozwoju (15, 25). Ze względu na potencjalną możliwość pojawiania się kolejnych nowych mutacji i szybkiego rozprzestrzeniania się tych wad genetycznych w populacji, szczególnie w warunkach sztucznej inseminacji, konieczna jest systematyczna kontrola kariotypu z wykorzystaniem metod nowoczesnej diagnostyki cytomolekularnej (5). Efektem monitoringu cytogenetycznego, którym objęto liczne populacje świń na świecie, jest identyfikacja ponad 200 wad kariotypu, przede wszystkim strukturalnych aberracji chromosomowych (głównie translokacji wzajemnych, a także fuzji centrycznych, tandemowych i inwersji) oraz nielicznych przypadków aneuploidii i chimeryzmu limfocytarnego (5, 7). Uzasadnia to potrzebę intensyfikacji badań przesiewowych zwierząt kwalifikowanych do rozrodu, z uwzględnieniem ras lokalnych, w tym także rodzimych ras zachowawczych (puławskiej, złotnickiej białej i złotnickiej pstrej), nie objętych dotąd żadnym programem oceny cytogenetycznej.

Dotychczasowe badania cytogenetyczne obejmujące dotąd zaledwie 30 świń z niewielkiej populacji rasy puławskiej nie ujawniły nosicieli nieprawidłowości kariotypu, wykazały natomiast polimorfizm specyficznych struktur chromosomowych, jakimi są obszary heterochromatyny konstytutywnej (prążki C) oraz regiony jąderkotwórcze (NOR) (2, 6, 12). Analiza prążków C, polegająca na pomiarach długości bloków heterochromatynowych, umożliwiła określenie dwóch wariantów polimorficznych różniących się wielkością w akrocentrycznych autosomach par 13-16, występujących z reguły w formie heterozygotycznej. Ponadto

wykazano, że zmienność dotyczy najczęściej chromosomów 16. pary. Nie zaobserwowano natomiast polimorficznych centromerów w autosomach par 17. i 18. Polimorficzne warianty prążków C uznane zostały za markery chromosomowe przydatne do charakterystyki struktury genetycznej świń rasy puławskiej (2).

Kolejną kategorią markerów chromosomowych są regiony jąderkotwórcze, zawierające sekwencje rybosomalnego DNA (rDNA) występujące na chromosomach 8. i 10. pary, ujawniane techniką fluorescencyjnej hybrydyzacji *in situ* (FISH) z sondą rDNA lub metodą barwienia srebrowego (Ag-NOR). Zarówno sygnały fluorescencyjne rDNA, jak i depozyty srebrowe wykazują wyraźną zmienność wielkości. Polimorfizm sygnałów FISH pod względem wielkości i intensywności jest rezultatem zmiennej liczby powtórzonych sekwencji rDNA, podczas gdy zróżnicowanie wielkości Ag-NOR wiąże się z poziomem aktywności transkrypcyjnej. Analiza intensywności sygnałów rDNA i powierzchni depozytów srebrowych u świń rasy puławskiej umożliwiła określenie czterech polimorficznych wariantów wielkości. Sygnały fluorescencyjne regularnie obserwowano w czterech regionach jąderkotwórczych, natomiast depozyty srebrowe rejestrowano w liczbie od 2 do 4, przy czym najczęściej ujawniały się one na trzech chromosomach: dwóch – pary 10. i jednym – 8. pary (6). Tendencje rasowe dotyczące polimorfizmu wielkości regionów jąderkotwórczych zaobserwowane u świń objętych programem ochrony zasobów genetycznych mogą być źródłem markerów chromosomowych przydatnych do identyfikacji sprzężeń z genami kontrolującymi cechy produkcyjne (12).

Podsumowując stan dotychczasowych badań cytogenetycznych w hodowli zachowawczej świń rasy puławskiej należy stwierdzić, że w tym momencie wymierne znaczenie praktyczne dla hodowli ma jedynie systematyczna kontrola kariotypu, którego prawidłowość jest istotnym kryterium selekcyjnym osobników kierowanych do rozrodu.

Charakterystyka świń rasy puławskiej na podstawie markerów DNA

Dynamiczny rozwój genetyki molekularnej oferuje coraz nowocześniejsze metody badawcze, takie jak analiza polimorfizmu krótkich powtórzeń tandemowych (STR) czy pojedynczych nukleotydów (SNP), przydatne przy określaniu genotypów odpowiedzialnych za kształtowanie cech ilościowych. Identyfikowanie funkcjonalnych polimorfizmów daje możliwość uzyskania szybkiego efektu selekcji ukierunkowanej na określone genotypy (16).

STR są uniwersalnymi markerami genetycznymi, charakteryzującymi się dużą liczbą i równomiernym rozmieszczeniem w genomie, wysokim poziomem polimorfizmu i kodominującym dziedziczeniem, a także możliwością szybkiej detekcji. Sekwencje

mikrosatelitarne, występujące w niekodujących i kodujących częściach genomu, stały się wszechstronnym molekularnym narzędziem wykorzystywanym m.in. do identyfikacji osobniczej, oceny poziomu zmienności genetycznej, budowy markerowych map genomowych czy mapowania genów. Obecnie polimorfizm STR stanowi podstawę kontroli pochodzenia zwierząt na poziomie molekularnym, jednak coraz częściej do identyfikacji osobniczej i kontroli pochodzenia oraz badań diagnostycznych wykorzystywane są polimorfizmy typu podstawień jednonukleotydowych SNP (9, 16).

Identyfikacja osobnicza świń ma kluczowe znaczenie przy weryfikacji rodowodów, kontroli pochodzenia, badaniu pokrewieństwa osobników oraz jako materiał porównawczy przy badaniu śladów biologicznych. W praktyce przeprowadza się ją na podstawie analizy 15 markerów mikrosatelitarnych (rekomendowanych przez Międzynarodowe Towarzystwo Genetyki Zwierząt – ISAG), amplifikowanych w dwóch tzw. multipleksach PCR: (I) S0005; S0090; S0101; S0155; S0355; S0386; SW24; SW240; SW857; SW951, (II) SW72; SW936; SW911; S0228; S0227. Markery te znajdują zastosowanie w ustalaniu genetycznych uwarunkowań cech użytkowych, a także w charakterystyce zmienności genetycznej, szczególnie ras zachowawczych, w przypadku których celowe jest utrzymanie istniejącej odrębności genetycznej i zmienności wewnątrzrasowej (9, 16).

Z uwagi na to, że poziom zmienności jest czynnikiem decydującym o skuteczności działań zmierzających do zachowania rasy i wykorzystania jej w produkcji towarowej, dużego znaczenia nabiera ocena struktury genetycznej rasy. W przypadku świń rasy puławskiej do charakterystyki rasowej wytypowano szereg markerów obejmujących sekwencje mikrosatelitarne i geny (m.in. RYR1, GH, GHRH, MYF3, MYF4, CLPS, LEP, PRL, PRLR, ESR, FST, MC4R, CRP, EGF, IGF2, FUT1, PTGS2, CSN2, CSN3). Ocena zmienności genetycznej świń rasy puławskiej przeprowadzona na podstawie analizy polimorfizmu 14 mikrosatelitarnych *loci* (S0088, S0090, Sw1891, S0061, Sw15, S0148, S0296, S0026, Sw2427, Sw1983, Sw419, Sw964, IGF1, TNFB – zlokalizowanych na 6 chromosomach) oraz 6 genów (RYR1, GH, GHRH, MYF3, MYOG i CLPS) pozwoliła na określenie współczynników heterozygotyczności (H) i polimorficzności (PIC) na poziomie, odpowiednio, 0,61 i 0,55 (1).

Najnowsze badania z tego zakresu polegały na wykorzystaniu modelu bazującego na metodzie klasteryzacji danych (metoda MCMC) uwzględniających pięć sekwencji mikrosatelitarnych (S0001, Sw589, S0073, Sw445, S0097) zlokalizowanych na chromosomie 4. W ten sposób określono polimorficzność badanych *loci* w zakresie od 0,546 (S0001) do 0,819 (Sw445) oraz zmienność genetyczną w populacji świń rasy puław-

skiej (96 sztuk) na poziomie 0,688, co może okazać się przydatne do ustalenia genetycznego profilu tej rasy (26). Uzyskane parametry struktury genetycznej określające badaną populację są podobne do opisanych wcześniej przez Babicz i wsp. (1) i wskazują na możliwość podjęcia pracy hodowlanej w małej populacji świń rasy puławskiej objętej programem ochrony zasobów genetycznych, z wykorzystaniem podstawowego wskaźnika, jakim jest zmienność genetyczna stada.

W celu ustalenia genetycznych uwarunkowań charakterystycznych cech rasowych przeprowadzono szereg badań w aspekcie asocjacji genów z określonymi cechami użytkowymi. Przykładem są analizy aktywności płciowej 96 loszek rasy puławskiej w odniesieniu do genotypów w *loci* genów prolaktyny – PRL i folistatyny – FST, uwzględniające parametry drugiej i trzeciej rui: wiek, masę ciała, czas odruchu tolerancji oraz intensywność reakcji rozrodczych w okresie rui. Wykazano interakcję określonych genotypów: FSTB/B i PRLB/B skutkującą wydłużeniem czasu odruchu tolerancji w drugiej rui na poziomie statystycznej istotności, a także zwiększeniem aktywności płciowej. Na podstawie tych wyników stwierdzono również, że geny PRL i FST mogą być markerami behawioru seksualnego loch rasy puławskiej (3).

Inne badania dotyczyły polimorfizmu genu receptora melanokortyny – MC4R oraz jego wpływu na jakość tuszy (11, 23, 24). Stwierdzono istotny wpływ allelu MC4RA na wzrost grubości słoniny grzbietowej, zwłaszcza w części krzyżowej. Wykazano także istotną zależność między występowaniem allelu MC4RA a większą ilością tłuszczu w karkówce. Ponadto osobniki mające w swym genotypie allel A w *locus* MC4R cechowały się istotnie mniejszą ilością mięsa w tym wyrębie.

Następne analizy dotyczyły genu troponiny T typu 3 – TNNT3 w celu określenia związku pomiędzy jego polimorfizmem a poziomem ekspresji oraz cechami użytkowymi. W badanej populacji (51 świń rasy puławskiej) nie stwierdzono wpływu wykrytych mutacji (głównie typu SNP) na sekwencję kodowanego białka ani zależności pomiędzy poziomem ekspresji genu TNNT3 a tymi mutacjami. Nie wykazano asocjacji pomiędzy polimorfizmem badanego genu a cechami rzeźnymi świń, takimi jak: masa szynki zadniej bez skóry i słoniny, powierzchnia oka polędwicy, zawartość mięsa w wyrębach podstawowych, zawartość mięsa w tuszy oraz masa mięsa wyrębów podstawowych. Zaobserwowano natomiast związek pomiędzy polimorfizmem genu TNNT3 a jakością mięsa, określaną poubojowym odczynem (pH oraz pH24) (28).

Poszukiwania markerów cech użyteczności rzeźnej dotyczyły również genu mikrosomalnego białka transportującego triglicerydy – MTTP, a celem badań było określenie wpływu polimorfizmu ENSSSCP00000009789.2:p.Leu840Phe na cechy

tekstury mięsa w mięśni najdłuższym grzbieta (*m. longissimus dorsi* – LD) i półbłoniastym szynki (*m. semimembranosus* – SM). Na podstawie analiz obejmujących niewielką populację świń rasy puławskiej (49 szt.) wykazano, że genotyp MTTP CC warunkuje istotnie niższe wartości parametrów profilu tekstury mięsa – TPA (twardość, spójność, sprężystość, odbojność, żujność), a tym samym marker ten może być uznany za gen kandydujący dla cech jakości wieprzowiny (17).

Polimorfizm kolejnego genu – dejodynazy jodotyroniny typu 3 – DIO3 badany był metodą HRM w kontekście asocjacji z cechami użytkowości rozrodczej i rzeźnej. U świń rasy puławskiej nie stwierdzono korelacji zidentyfikowanych alleli z mięsnością, natomiast w odniesieniu do płodności zasugerowano że polimorfizmy w genie DIO3 (rs80999359 oraz rs80983654) mogą być związane z kształtowaniem cech rozrodczych i zaproponowano uznać go za gen kandydujący dla parametru liczby prosiąt w miocie (10).

Dotychczasowe analizy polimorfizmu kilku wybranych genów warunkujących cechy użytkowości mięsnej i rozrodczej przeprowadzone w niewielkich stadach świni puławskiej, w porównaniu z szerokim zakresem poszukiwań korzystnych alleli u wielu innych ras, sugerują potrzebę identyfikacji kolejnych markerów genetycznych przydatnych u tej rasy w pracy hodowlanej. Przegląd aktualnych badań bazujących głównie na technikach genotypowania nowej generacji sugeruje, że w najbliższej przyszłości panele SNP będą podstawowym narzędziem wykorzystywanym w kontroli pochodzenia, jak również w poszukiwaniu genów głównych i ocenie zmienności genetycznej. Stosowanie tak precyzyjnych metod badawczych, przy uwzględnieniu genów istotnych dla cech użytkowych (m.in. RYR1, DIO3, GH, GHRH, MYF3, MYF4, CSN2, CSN3, LIF, RBP4, LEPR), umożliwi przeprowadzenie szczegółowej charakterystyki genetycznej świń rasy puławskiej, co jest szczególnie istotne w przypadku hodowli zachowawczej obejmującej małe stada o zagrożonej zmienności wewnątrzrasowej (10, 18, 19, 22, 24, 27).

Piśmiennictwo

1. Babicz M., Kuryl J., Walkiewicz A.: Evaluation of the genetic profile of the Pulawska breed. *J. Appl. Genet.* 2003, 44, 497-508.
2. Babicz M., Rejdach B., Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B., Walkiewicz A., Słota E.: Assessment of size of centromeric heterochromatin regions in Pulawska pigs. *Ann. Anim. Sci.* 2004, 4, 15-21.
3. Babicz M., Skrzypczak E., Kropiwek K., Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B.: Impact of PRL and FST loci polymorphism on sexual activity of pulawska breed gilts. *Ann. Anim. Sci.* 2014, 14, 821-830.
4. Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Rejdach B.: Diagnosis of tandem fusion translocation in the boar using FISH technique with human painting probes. *Ann. Anim. Sci.* 2010, 10, 361-366.
5. Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A., Rejdach B.: Molecular cytogenetics in the diagnostics of balanced chromosome mutations in the pig (*Sus scrofa*) – a review. *Ann. Anim. Sci.* 2016, 16, 679-699.
6. Danielak-Czech B., Słota E., Babicz M., Kozubska-Sobocińska A., Rejdach B.: Ocena wielkości regionów jąderkotwórczych (NOR) u świń rasy puławskiej. *Rocz. Nauk. Zoot.* 2006, 33, 13-19.
7. Ducos A., Revay T., Kovacs A., Hidas A., Pinton A., Bonnet-Garnier A., Molteni L., Słota E., Świtoński M., Arruga M. V., van Haeringen W. A., Nicolae I., Chaves R., Guedes-Pinto H., Andersson M., Iannuzzi L.: Cytogenetic screening of livestock populations in Europe: an overview. *Cytogenet. Genome Res.* 2008, 120, 26-41.
8. Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B., Bąk A., Babicz M., Rejdach B.: Comparative physical mapping of genes associated with meat production traits in the wild pig genome. *Chromosome Res.* 2014, 2, 414.
9. Kozubska-Sobocińska A., Rejdach B., Oczkiewicz M., Babicz M.: Genetic conservation of microsatellite sequences in Suidae. *Ann. Anim. Sci.* 2009, 9, 243-248.
10. Oczkiewicz M., Dunkowska A., Piórkowska K., Mucha A., Tyra M., Ropka-Molik K.: Associations between polymorphisms in the DIO3 gene and reproductive traits and carcass performance in pigs. *Ann. Anim. Sci.* 2016, 16, 399-413.
11. Piórkowska K., Tyra M., Rogoż M., Ropka-Molik K., Oczkiewicz M., Różycki M.: Association of the melanocortin-4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fitness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Sci.* 2010, 85, 297-301.
12. Raudsepp T., Chowdhary B. P.: Cytogenetics and chromosome maps, [w:] Rothschild M. P., Ruvinsky A. (eds): The genetics of the pig, CAB International Wallingford 2011, 134-178.
13. Rejdach B., Danielak-Czech B., Kozubska-Sobocińska A.: FISH-based comparative analysis of human and porcine chromosome region involving obesity-related genes. *Ann. Anim. Sci.* 2010, 10, 367-372.
14. Rejdach B., Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B.: Use of human painting probes for identification of centric fusion in wild boar. *Chromosome Res.* 2010, 18, 728-729.
15. Rejdach B., Kozubska-Sobocińska A., Słota E., Sysa P., Wrzeska M.: Evaluation of chromosomal changes in gonads and their effect on boar fertility. *Med. Weter.* 2006, 62, 931-932.
16. Rohrer G. A., Freking B. A., Nonneman D.: Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion. *Anim. Genet.* 2007, 38, 253-258.
17. Ropka-Molik K., Podstawski P., Piórkowska K., Tyra M.: Association of gene coding for microsomal triglyceride transfer protein (MTP) and meat texture characteristic in pig. *Ann. Anim. Sci.* 2016, 16, 721-729.
18. Rybarczyk A., Kmieć M., Napierała F., Natalczyk-Szymkowska W.: The effect of calpastatin polymorphism (CAST/HinfI and CAST/Hpy188I) and its interaction with RYR1 genotypes on carcass and pork quality of crossbred pigs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 2010, 28, 253-260.
19. Skrzypczak E., Babicz M., Pastwa M.: Effect of prolactin receptor (PRLR) and beta-casein (CSN2) gene polymorphism on the chemical composition of milk sows. *Folia Biol. (Krakow)* 2015, 63, 135-144.
20. Słota E., Danielak-Czech B., Pietraszewska J., Kozubska-Sobocińska A.: Preliminary identification of the fragile X in two crossbred cows. *Vet. Med. – Czech* 2000, 45, 308-310.
21. Słota E., Kozubska-Sobocińska A., Danielak-Czech B., Rejdach B., Kowol P., Żyga A.: A note on cytogenetic monitoring of Polish Red cattle. *J. Anim. Feed Sci.* 2004, 12, 65-71.
22. Spötter A., Müller S., Hamann H., Distl O.: Effect of polymorphisms in the genes for LIF and RB44 on litter size in two German pig lines. *Reprod. Domest. Anim.* 2009, 44, 100-105.
23. Szyndler-Nędza M., Tyra M., Blicharski T., Piórkowska K.: Effect of mutation in MC4R gene on carcass quality in Pulawska pig included in conservation breeding programme. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 2010, 28, 37-45.
24. Szyndler-Nędza M., Tyra M., Ropka-Molik K., Piórkowska K., Mucha A., Różycki M., Koska M., Szulc K.: Association between LEPR and MC4R genes polymorphism and composition of milk from sows of dam line. *Mol. Biol. Rep.* 2013, 40, 4339-4347.
25. Świtoński M., Danielak-Czech B., Słota E., Sysa P.: Lack of pairing loop formation in synaptonemal complex preparation of a boar carrying an inversion. *Hereditas* 1998, 128, 83-85.
26. Szmatola T., Ropka-Molik K., Tyra M., Piórkowska K., Żukowski K., Oczkiewicz M., Blicharski T.: The genetic structure of five pig breeds maintained in Poland. *Ann. Anim. Sci.* 2016, 16, 1019-1027.
27. Terman A., Kmieć M., Polasik D., Rybarczyk A.: Association between RBP4 gene polymorphism and reproductive traits in Polish pigs. *J. Anim. Vet. Adv.* 2011, 10, 2639-2641.
28. Witoń M., Różycki M.: Polymorphism in troponin T gene (TNNT3) and its effect on gene expression level and production traits in pigs of selected breeds. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 2010, 28, 47-59.

Adres autora: dr hab. prof. nadzw. Marek Babicz, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin; e-mail: marek.babicz@up.lublin.pl