

THE VARIABILITY OF CHOSEN GENES AND THEIR ASSOCIATIONS WITH PERFORMANCE TRAITS IN SOWS OF PŘEŠTICE BLACK-PIED BREED

Matoušek V.¹, Kernerová N.¹, Vrtková I.²

¹ University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic

² Mendel University in Brno, Czech Republic

Abstract

The sows originated from two nucleus herds of Přeštice Black-Pied breed (N = 75). The following traits were included – total number of piglets born, number of piglets born alive and number of piglets weaned at 21 days, separately for the 1st, the 2nd and the 3rd to 6th parities and backfat thickness, lean meat content and average daily gain. Because of a low number of sows CRC^N/CRC^N genotype and missing genotype CRC^N/CRC^N and polymorphisms *ESR2* gene, genes *CRC* and *ESR2* were excluded from the association analysis. We observed a lower number of sows with homozygous genotypes $MC4R^A/MC4R^A$ (29.3%) and $MC4R^B/MC4R^B$ (20.0%) in the *MC4R* gene. The frequency of the genotype $FUT1^A/FUT1^G$ (29.3%) was observed to be low compared with the $FUT1^G/FUT1^G$ genotype (70.7%). Similar genotype frequencies were found out in the *MUC4* gene, $MUC4^A/MUC4^A$ genotype 53.3% and $MUC4^A/MUC4^B$ genotype 46.7%. Markedly lower presence of $Mx1^O/Mx1^P$ genotype (18.7%) was in our population compared to $Mx1^O/Mx1^O$ genotype (81.3%). No significant effect of the included genes on the reproduction traits of litter was found, nevertheless the significant effect of these genes on some production traits was observed. The sows with genotype $MC4R^B/MC4R^B$ had significantly lower ($P < 0.05$) average daily gain. The genotype $FUT1^A/FUT1^G$ proved the highest ($P < 0.01$) lean content (59.15%) in comparison to genotype $FUT1^G/FUT1^G$ (57.94%). Homozygous $MUC4^A/MUC4^A$ sows achieved lower ($P < 0.05$) backfat thickness than $MUC4^A/MUC4^B$ sows (difference 0.09 mm). No association of the *Mx1* gene either with growth traits or carcass value trait was demonstrable in the observed population.

Key Words: pig; Přeštice Black-Pied; performance traits; *MC4R*; *FUT1*; *MUC4*; *Mx1*

Plemeno přeštické černostrakaté (Pc) je původní české plemeno, charakteristické vysokou plodností a vynikajícími mateřskými vlastnostmi, horší konverzí krmiva, vyšší výškou hřbetního tuku a nižším podílem svaloviny. Podle HORÁKA *et al.* (2004) jsou genetické zdroje hospodářských zvířat zajímavým odvětvím výzkumu, protože nejsou tolik ovlivněny selekcí, jako komerční hybridní linie.

Od konce 70. let je selekce v oblasti kvality vepřového masa zaměřena na eliminaci mutantní recesivní alely genu *CRC*. U prasníc plemene Pc popsali HORÁK *et al.* (2004) významný vliv polymorfizmu genu *CRC* na počet všech narozených selat na 1. a 1.–6. vrzích, asociaci s počtem odstavených selat neprokázali. U jedinců genotypu CRC^N/CRC^N zjistili TOR *et al.* (2001) vyšší výšku hřbetního tuku a průměrný denní přírůstek a nižší podíl svaloviny. GARCIA-MACIAS *et al.* (1996) nepotvrdili významný vliv *CRC* genu na výšku hřbetního tuku. Vyšší podíl svaloviny u CRC^N/CRC^N genotypu prokázali mezi mnoha autory např. FISHER a MELLETT (2000). CHANNON *et al.* (2000) zmiňují, že ačkoli je genotyp *CRC* významným faktorem, na kvalitu masa působí i předporážkové zacházení a metoda omračování.

Lokus *MC4R* je u prasat stanoven jako kandidátní gen pro růst, příjem krmiva a tučnění. JOKUBKA *et al.* (2006) vyvodili, že vzhledem k tomu, že hraje roli v energetické homeostázi, může jeho polymorfizmus souviset s růstem a

obezitou. VAN DEN MAAGDENBERG *et al.* (2007) zjistili u finálních hybridů významný pozitivní vliv *MC4R* mutace na průměrný denní přírůstek, který byl doprovázen vyšší výškou hřbetního tuku a nižším podílem svaloviny. FAN *et al.* (2009) podotýkají, že některé zdroje tyto asociace nepotvrdily. I PIÓRKOWSKA *et al.* (2010) poznamenávají, že publikované výsledky jsou rozporuplné.

Již několik let přispívá ke zvýšení četnosti vrhu u prasat selekce pomocí markerů. S použitím 4 linií plemene LW SHORT *et al.* (1997) prokázali, že vliv genu *ESR* je aditivní a že rozdíl mezi homozygoty je přibližně 0,8 selete ve prospěch genotypu ESR^B/ESR^B . U prasat plemene ČBU našli HUMPOLÍČEK *et al.* (2007) významný efekt *ESR* genu na četnost vrhu (zejména na 2.), na růstové vlastnosti vliv neměl. Byly publikovány i rozporné studie týkající se vlivu *ESR* genu na plodnost (MATOUŠEK *et al.*, 2003; WANG *et al.*, 2006). Podle NOGUERA *et al.* (2003) to může být způsobeno odlišnou vazbou mezi *PvuII* polymorfizmem a příčinnou mutací neznámého genu v konkrétní populaci nebo existencí epistáze mezi *ESR* genem a dalšími lokusy. U plemene Pc nepozorovali HORÁK *et al.* (2005) významný vliv *ESR2* polymorfizmu na reprodukci. NOGUERA *et al.* (2003) zjistili u jedinců selektovaných na plodnost na 3. a dalších vrzích vliv alely ESR^B s rostoucí četností vrhu, u kontrolních zvířat pozorovali opak. Výsledky naznačily, že na pozadí genotypu *ESR* existuje interakce.

Cílem chovatelů je snížení nákladů. Jedním ze závažných problémů je udržení prasat bez chorob. Luo *et al.* (2010) podotýkají, že v současné době nejsou k dispozici účinné metody léčení, proto je věnována pozornost hledání genů podmiňujících odolnost vůči onemocněním.

M307 polymorfismus genu *FUT1* ovlivňuje náchylnost k ulpívání *E. coli* F18 na střevní sliznici a propuknutí nemoci (MEIJERINK *et al.* 2000). Podle HEA *et al.* (2001) vyšetření poodstavového průjmu a edémové nemoci v provinciích Číny prokázalo, že nemocnost u prasat západních plemen a jejich kombinací byla vyšší než u původních čínských plemen, přestože LUO *et al.* (2010) uvádí, že u nich nebyl dosud nalezen rezistentní genotyp *FUT1^A/FUT1^A*. HORÁK *et al.* (2005) se domnívají, že z hlediska toho, že je plodnost podmíněna zdravím, by mohl gen *FUT1* sloužit jako kandidátní gen pro četnost vrhu.

Průjmová onemocnění jsou rovněž asociována s genem *MUC4*. Enterotoxigenní *E. coli* s fimbriemi F4 způsobují průjmy a úmrtnost novorozenců a čerstvě odstavených prasat. VAN DEN BROECK *et al.* (2000) konstatují, že kolonizující bakterie produkují enterotoxiny, které spouštějí sekreci vody a elektrolytů do lumenu tenkého střeva, což vede k průjmu. Podle SELLWOODA *et al.* (1975) jsou některá prasata vrozeně rezistentní k ETEC F4 infekcím, což naznačuje genetický základ pro jejich odolnost. Že je ETEC F4 rezistence dědičná jako autozomální recesivní vlastnost prokázali SELLWOOD (1979).

Gen *Mx1* navozuje odolnost proti chřipkovým virům, které jsou významným patogenem prasat. VRTKOVÁ *et al.* (2006) uvádějí, že 11-bp delece v genu *Mx1* má za následek ztrátu schopnosti potlačit šíření viru. Slibným způsobem, jak vzdorovat infekcím by mělo být podle PALMA *et al.* (2007) zlepšení rezistence pomocí genetické selekce. Výsledky NAKAJIMA *et al.* (2007) naznačují, že 11-bp delece je chybějící antivirovou aktivitou schopna přispět k ovlivnění replikace viru chřipky.

Cílem práce bylo stanovit u prasnic plemene přeštické černostrakaté genetickou variabilitu genů *CRC*, *MC4R*, *ESR2*, *FUT1*, *MUC4* a *Mx1* a u genů, které vykazaly polymorfismus (*MC4R*, *FUT1*, *MUC4* a *Mx1*), analyzovat asociace s užitkovými znaky.

Materiál a metodika

Sledovanou populaci tvořilo 75 prasnic plemene přeštické černostrakaté pocházejících ze dvou nukleových chovů. Pro genetické analýzy bylo vybráno 6 genů – *CRC*, *MC4R*, *ESR2*, *FUT1*, *MUC4* a *Mx1*. Genomová DNA byla izolována z krevních vzorků. Detekce genotypů byly provedeny na Mendelově univerzitě v Brně v laboratoři LAMGen. Vztahy mezi polymorfismem vybraných genů a počtem všech a živě narozených a dochovaných selat byly sledovány zvláště na 1., 2. a 3. až 6. vrzích. Dále byly analyzovány ukazatele zjišťované v kontrole vlastní užitkovosti, tj. průměrný denní přírůstek, průměrná výška hřbetního tuku a podíl svaloviny. Vzhledem k tomu, že se

ve sledovaném souboru vyskytla jen jedna prasnice heterozygotního genotypu (ostatní byly dominantně homozygotní) a pouze jedinci genotypu *ESR2^A/ESR2^A*, byly geny *CRC* a *ESR2* vyloučeny z hodnocení asociací. Ke statistickému vyhodnocení byl použit obecný lineární model (Statistica 7) s pevnými efekty pro reprodukční znaky – geny *MC4R*, *FUT1*, *MUC4* a *Mx1* a chov a rok narození prasnice a pro produkční znaky – geny *MC4R*, *FUT1*, *MUC4* a *Mx1* a chov.

Výsledky a diskuze

Gen *CRC*

Z tabulky 1 je zřejmé, že téměř všichni jedinci, s výjimkou jedné heterozygotní prasnice, byli dominantně homozygotního genotypu. Recesivně homozygotní prasnice se nevyskytly. Recesivní alela *CRCⁿ* tak byla zjištěna značně nižší (0,007) než alela *CRC^N* (0,993). ČEPICA *et al.* (1982) zjistili u plemene Pc vyšší výskyt *CRCⁿ* alely (0,348). I HORÁK *et al.* (2004) u plemene Pc uvádí frekvenci *CRCⁿ* alely vyšší (0,083), než byla nalezena v naší sledované populaci a také potvrzují nepřítomnost *CRCⁿ/CRCⁿ* genotypu. Domnívají se, že za značným snížením četnosti recesivní alely stojí snaha o vyloučení genotypů *CRC^N/CRCⁿ* a *CRCⁿ/CRCⁿ* z nukleových chovů, které bylo provedeno i přes vyhlášení plemene Pc genovou rezervou. KAHÁNKOVÁ *et al.* (1996) zmiňují, že výskyt alely *CRCⁿ* byl i u plemen ČL a ČBU před lety vyšší. Domnívají se, že stejně tak jako klesl výskyt u těchto plemen, klesl i u Pc prasnic.

Gen *MC4R*

U genu *MCR4* (tabulka 1) byly stanoveny 3 genotypy. Nejvyšší frekvence byla zjištěna u *MC4R^A/MC4R^B* genotypu (50,7 %). Homozygotní genotypy *MC4R^A/MC4R^A* (29,3 %) a *MC4R^B/MC4R^B* (20,0 %), stejně jako frekvence alel *MC4R^A* (0,547) a *MC4R^B* (0,453), byly shledány na podobné úrovni. I genotypová analýza provedená SZYNDLER-NEJDEM *et al.* (2010) u plemene pulawské vykazala nejvyšší frekvenci heterozygotního genotypu (57,6 %). Také zjistili nejnižší frekvenci *MC4R^A/MC4R^A* jedinců (13,6 %) a stanovili nižší výskyt alely *MC4R^A*. PIÓRKOWSKA *et al.* (2010) uvádí, že alela *MC4R^B* se často vyskytuje u plemen selektovaných na vysoký podíl svaloviny (pietrain – 0,924), ojedinele u plemene s vyšším podílem tuku (duroc – 0,315). Její frekvenci zjistili u plemen polské bílé – 0,448 %, polská landrase – 0,763 % a pulawské – 0,581 %.

Dosažené hodnoty četnosti vrhů jednotlivých genotypů genu *MCR4* jsou uvedené v tabulce 2. Na 1. vrhu byl zjištěn vyšší počet všech narozených selat u prasnic homozygotních genotypů. Prasnicím *MC4R^B/MC4R^B* se narodilo 10,27 všech narozených selat. U recesivně homozygotních prasnic *MC4R^A/MC4R^A* byla plodnost nižší pouze o 0,04 selete. Homozygotní prasnice dosáhly i téměř shodného počtu živě narozených selat, 10,15; resp. 10,11, tj. se stejným rozdílem 0,04 selete ve prospěch

recesivně dominantních prasnic. Heterozygotní prasnice vykázaly o více než 0,2 všech a o téměř 0,5 živě narozených selat méně. Nejvíce dochovaných selat se na 1. vrhu narodilo prasnicím $MC4R^A/MC4R^A$ (9,79 ks), což bylo o 0,87 selete více než heterozygotním prasnicím a o 0,48 selete více než prasnicím $MC4R^B/MC4R^B$. Obdobná situace se u všech narozených selat opakovala i na 2. vrzích, kdy se téměř shodně selat narodilo prasnicím homozygotních genotypů, tj. 11,15; resp. 11,14. Počet živě narozených selat dosáhly nejvyšší (10,98) prasnice $MC4R^A/MC4R^A$, heterozygotním a recesivně dominantním prasnicím se narodilo o 1 sele méně. Nejvíce dochovaných selat na 2. vrhu (10,36 ks) vykázala také skupina dominantně homozygotních prasnic, což bylo o 1,20; resp. 1,33 selete více než heterozygotním, resp. recesivně homozygotním prasnicím. Na 3.–6. vrzích byl stanoven nejvyšší počet všech, živě i dochovaných selat u prasnic s $MC4R^B/MC4R^B$ genotypem. Nejvyšší rozdíl byl zjištěn u počtu všech narozených selat. Heterozygotní prasnice vykázaly o 0,67 selete a dominantně homozygotní o 0,59 selete ve vrhu méně. U živě narozených selat byla diference 0,46; resp. 0,39 selete a u dochovaných selat byl rozdíl 0,24; resp. 0,39 selete od $MC4R^A/MC4R^B$, resp. $MC4R^A/MC4R^A$ prasnic.

V ukazatelích vlastní užitkovosti (tabulka 3) byla naměřena nejnižší výška hřbetního tuku (1,07 mm) a nejvyšší podíl svaloviny (58,79 %) u heterozygotních prasnic, což byla o 0,04 mm a 0,07 mm, resp. 0,33 % a 0,41 % nižší hodnota než u prasnic $MC4R^A/MC4R^A$ a $MC4R^B/MC4R^B$. I u přírůstku byla zjištěna nejvyšší hodnota u heterozygotních prasnic (539,4 g). Od dominantně homozygotních se lišila pouze nepatrně. Recesivně dominantní prasnice dosáhly statisticky průkazně nejnižší přírůstek ($P < 0,05$).

Ve studii PIÓRKOWSKIE *et al.* (2010) byla alela $MC4R^A$ asociována s vyšším denním přírůstkem a vyšší výškou hřbetního tuku u plemene polská landrase a nižším podílem svaloviny u plemene pulawské. Výsledky našeho sledování se tak shodují pouze v případě průměrného denního přírůstku. I SZYNDLER-NĘDZA *et al.* (2010) prokázali u prasat plemene pulawské významný vliv alely $MC4R^A$ na vyšší výšku hřbetního tuku a nižší podíl svaloviny. Naše měření je srovnatelné s LYADSKIYM *et al.* (2011), kteří zjistili u $MC4R^A/MC4R^B$ genotypu tendenci k nižší výšce hřbetního tuku. Také STACHOWIAK *et al.* (2006) nedoložili vliv polymorfizmu genu $MC4R$ na denní příjem krmiva a výšku hřbetního tuku.

Gen *ESR2*

Ve vzorku sledované populace prasnic plemene Pc byly u genu *ESR2* shledány všechny prasnice homozygotně dominantního genotypu $ESR2^A/ESR2^A$. U plemene Pc potvrdili HORÁK *et al.* (2005) vyšší frekvenci alely $ESR2^A$ než $ESR2^B$. VRTKOVÁ a DVOŘÁK (2001) zjistili frekvenci $ESR2^B$ alely u prasnic plemene ČBU 0,35 a u ČL 0,10. I u hybridních prasnic F_2 generace, stejně jako tomu bylo v námi sledovaném souboru, nenalezli BUSKE *et al.* (2006) genotyp $ESR2^B/ESR2^B$. Domnívají se, že byl

v průběhu let vyselektován. Frekvenci $ESR2^A$ alely zjistili 0,57 a $ESR2^B$ alely 0,43. LOPEZ *et al.* (2006) konstatují, že prasnice yorkshire x landrase s vysokou četností vrhu byly asociovány s vyšší frekvencí alely ESR^B . Zjištěné rozdíly 0,04 živě narozených a 0,3 odstavených selat byly ve prospěch genotypu ESR^A/ESR^B .

Gen *FUT1*

Z tabulky 1 je patrné, že u genu *FUT1* byla stanovena vyšší frekvence $FUT1^G/FUT1^G$ genotypu (70,7 %) ve srovnání s heterozygotním genotypem (29,3 %). Prasnice s rezistentním genotypem k průjmovému onemocnění $FUT1^A/FUT1^A$ zjištěny nebyly. Frekvence alely $FUT1^G$ (0,853) tak značně převyšovala výskyt alely $FUT1^A$ (0,147). U plemene Pc uvádí HORÁK *et al.* (2002) frekvenci FUT^A/FUT^A genotypu 6,67 %. HORÁK *et al.* (2005) u plemene Pc předpokládali vyšší výskyt recesivní alely $FUT1^A$. Usoudili, že nižší četnost může mít původ v absenci přírodní selekce vnímavých zvířat v minulosti. DVOŘÁK a VRTKOVÁ (2005) pozorovali zastoupení genotypu FUT^A/FUT^A u plemen ČBU (2,3 %) a Pc (6,67 %), u plemen ČL a Pn zastoupen nebyl. VRTKOVÁ a DVOŘÁK (2006) zjistili frekvenci rezistentní alely $FUT1^A$ u kanců plemen ČBU, ČL a D (0,20), u prasnic plemene ČBU (0,24) a plemene Pc (0,08). VRTKOVÁ *et al.* (2007a) potvrdili genotyp FUT^G/FUT^G u komerčních plemen 49,2 %, v populaci prasat Pc, stejně jako v případě našeho souboru, vnímavé jedince nezjistili. KLUKOWSKA *et al.* (1999) uvádí vysokou frekvenci genotypu FUT^A/FUT^A u plemene zlotnické 37,5 % (frekvence $FUT1^A$ alely 0,63) a u hybridů yorkshire x zlotnické strataté 33 %. U plemen polské bílé a polská landrase genotyp FUT^A/FUT^A nenalezli. Z celkem 21 čínských plemen zaznamenali YAN *et al.* (2003) výskyt alely $FUT1^A$ pouze u jednoho plemene.

Ani genotypy *FUT1* genu nebyly významně asociovány s reprodukčními ukazateli (tabulka 2). Prasnice $FUT1^G/FUT1^G$ dosáhly na 1. vrhu v ukazatelích četnosti vrhu vyšších hodnot, a to o 0,29 všech, 0,28 živě a 0,20 dochovaných selat ve srovnání s $FUT1^A/FUT1^G$ prasnicemi. Na 2. vrhu a 3. až 6. vrhu heterozygotní prasnice převýšily prasnice genotypu $FUT1^G/FUT1^G$ rovněž ve všech parametrech, a to o 1,23; 0,91 a 0,66 živě narozených, resp. 0,06; 0,21 a 0,56 dochovaných selat.

Ukazatele výkrmnosti a jatečné hodnoty jsou uvedeny v tabulce 3. U prasnic $FUT1^A/FUT1^G$ byla naměřena pouze o 0,09 mm nižší výška hřbetního tuku. I průměrný denní přírůstek se mezi heterozygotními a recesivně dominantními prasnicemi lišil zcela nepatrně (528,8 g, resp. 530,9 g). Avšak podíl svaloviny byl zjištěn statisticky průkazně vyšší o 1,21 % ($P < 0,01$) ve prospěch heterozygotního genotypu.

U prasnic plemene Pc $FUT1^A/FUT1^A$ našli HORÁK *et al.* (2005) na 2.–6. vrhu a 1.–6. vrhu výrazně nižší počet živě narozených a odstavených selat. Homozygoti $FUT1^G/FUT1^G$ významně převýšili prasnice $FUT1^A/FUT1^A$ v počtu všech narozených selat na 1.–6. vrzích. U kříženek yorkshire x landrase LOPEZ *et al.* (2006) uvádí, že

prasnícím $FUT1^G/FUT1^G$ se narodilo o 0,6 více všech narozených selat než prasnícím $FUT1^A/FUT1^G$. Jako příznivý pro parametry vrhu, ve shodě s naším zjištěním, stanovili LUO *et al.* (2010) genotyp $FUT1^A/FUT1^B$. Domnívají se, že za výsledky by mohly být zodpovědné i jiné geny. I podle DOMINA *et al.* (2001) nebyly jednoznačně potvrzeny zjevné účinky genu $FUT1$ na plodnost. VÖGELI *et al.* (1996) předpokládají, že nerovnováha mezi geny může způsobit, že výhodné genotypy odolné vůči infekci *E. coli* F18 jsou asociovány s přílehlými geny s nepříznivým genotypem pro parametry četnosti vrhu. JIANG *et al.* (2005) shledali, že $FUT1^A/FUT1^A$ genotyp u hybridních prasat LW × meishan byl výhodnější pro nižší výšku hřbetního tuku. KADARMIDEEN (2008) odhalil pozitivní vliv alely $FUT1^A$ na růst, ale negativní na zvýšení výšky hřbetního tuku a pokles podílu HMC, což naše výsledky nepotvrdily.

Gen $MUC4$

V $MUC4$ polymorfizmu (tabulka 1) byl podíl prasníc $MUC4^A/MUC4^A$ (53,3 %) blízký podílu prasníc $MUC4^A/MUC4^B$ (46,7 %). V souboru nebyl detekován jedinec $MUC4^B/MUC4^B$ genotypu. Frekvence alely $MUC4^A$ (0,767) byla zjištěna značně vyšší než alely $MUC4^B$ (0,233). V genu $MUC4$ u komerčních plemen, resp. jedinců plemene Pc stanovili VRTKOVÁ *et al.* (2007b) srovnatelné genotypové frekvence, $MUC4^A/MUC4^A$ – 62,4 %, resp. 60 %; $MUC4^A/MUC4^B$ – 28,1 %, resp. 40 % a $MUC4^B/MUC4^B$ – 9,5 %, resp. 0 %. Frekvenci rezistentní alely $MUC4^A$ určili u souboru plemenných kanců ČBU, ČL a D – 0,52, u chovných prasníc plemene ČBU – 0,52 a plemene Pc – 0,80. U plemene Pc tedy obdobnou s naším zjištěním. Podle CIRERA *et al.* (2004) se u plemene landrase objevoval $MUC4^A/MUC4^A$ genotyp velmi zřídka (0,2 %), u plemene yorkshire relativně zřídka (20 %) a velmi odolná k infekci *E. coli* F4 byla plemena duroc (88,3 %) a hampshire (97,9 %).

FILISTOWICZ *et al.* (2006) uvádí, že frekvence genotypu $MUC4^A/MUC4^A$ u plemen belgická landrase a duroc překročila 85 % a u plemene polská landrase jen 16,2 %.

Na 1. vrhu dosáhly vyššího počtu všech a živě narozených selat a dochovaných selat prasnice genotypu $MUC4^A/MUC4^A$, o 0,13; 0,32 a 0,54 selat více ve srovnání s heterozygotními prasnícemi, jak vyplývá z tabulky 2. Na 2. a 3. až 6. vrzích byla vyšší užitkovost potvrzena u heterozygotních prasníc. Vyšší rozdíly byly zjištěny na 2. vrzích, a to o 0,43 všech a 0,29 živě narozených selat a o 0,27 dochovaných selat více ve srovnání s recesivně dominantními prasnícemi. Na 3. až 6. vrzích byly nalezeny difference nižší, a to o 0,27 všech a 0,20 živě narozených selat, resp. o 0,07 dochovaných selat.

U prasníc $MUC4^A/MUC4^A$ byla naměřena statisticky průkazně vyšší ($P < 0,05$) výška hřbetního tuku o 0,09 mm, zjištěn o 0,83 % vyšší podíl svaloviny a jen nepatrně vyšší průměrný denní přírůstek (tabulka 3).

FILISTOWICZ *et al.* (2006) prokázali, že $MUC4$ lokus ovlivnil počet narozených a dochovaných selat na 2. a 3. vrhu. Neočekávaně vyšší hodnoty pozorovali u prasníc s genotypy $MUC4^A/MUC4^B$ (ve shodě s našimi výsledky) a $MUC4^B/MUC4^B$, které jsou náchylné k infekci *E. coli* kmene F4.

Gen $Mx1$

V případě genu $Mx1$ (tabulka 1) ve sledovaném souboru velmi výrazně převažoval dominantně homozygotní genotyp (81,3 %), heterozygotní genotyp byl zastoupen jen u 18,7 % prasníc. Prasnice genotypu $Mx1^P/Mx1^P$ zaznamenány nebyly. Frekvence alely $Mx1^O$ (0,907) byla značně vyšší ve srovnání s $Mx1^P$ alelou (0,093). U komerčních plemen ve srovnání s plemenem Pc stanovili VRTKOVÁ *et al.* (2007b) genotyp $Mx1^O/Mx1^O$ – 62,2 %, resp. 76,4 %; $Mx1^O/Mx1^P$ – 29,4 %, resp. 18,2 % a genotyp $Mx1^P/Mx1^P$ – 8,4 %, resp. 5,4 %. V našem sledování byly frekvence dominantně homozygotního a heterozygotního genotypu obdobné. Frekvenci $Mx1^O$ alely uvádí u plemenných kanců (ČBU, ČL, D) – 0,85 a u chovných prasníc plemene ČBU – 1,00 a plemene Pc – 0,85. U plemene Pc tedy velmi podobnou hodnotu, jako v námi sledovaném souboru, tj. 0,91.

V tabulce 2 jsou vyhodnoceny reprodukční parametry. Na 1. vrzích se narodilo více všech a živě narozených selat prasnícím $Mx1^O/Mx1^P$, podařilo se jim i nejvíce selat dochovat. Vyšší difference byly zjištěny u živě narozených (0,43) a dochovaných selat (0,49). Na 2. vrzích lepších ukazatelů dosáhly $Mx1^O/Mx1^O$ prasnice. Vyšší rozdíly byly u všech (0,77) a živě narozených selat (0,48). Na 3. až 6. byl stanoven, stejně jako na 1. vrzích, vyšší počet selat u prasníc genotypu $Mx1^O/Mx1^P$, největší rozdíl byl u všech narozených selat (0,45). U prasníc genotypů $Mx1^O/Mx1^O$ a $Mx1^O/Mx1^P$ byly v ukazatelích vlastní užitkovosti zjištěny zcela minimální rozdíly (tabulka 3).

Ani výsledky LIA *et al.* (2010) neprokázaly statisticky významné asociace mezi $Mx1$ 11-bp polymorfizmem a průměrnou výškou hřbetního tuku, podílem svaloviny a průměrným denním přírůstkem v testovaném souboru plemen landrase a yorkshire.

Tabulka 1. Frekvence genotypů a alel u plemene přeštické černostrakaté (N = 75)

Genotyp	N	Frekvence genotypů	Alela	Frekvence alel
CRC^N/CRC^N	74	0,987	CRC^N	0,993
CRC^N/CRC^n	1	0,013	CRC^n	0,007
$MC4R^A/MC4R^A$	22	0,293	$MC4R^A$	0,547
$MC4R^A/MC4R^B$	38	0,507	$MC4R^B$	0,453
$MC4R^B/MC4R^B$	15	0,200		
$ESR2^A/ESR2^A$	75	1	$ESR2^A$	1
$FUT1^A/FUT1^G$	22	0,293	$FUT1^A$	0,147
$FUT1^G/FUT1^G$	53	0,707	$FUT1^G$	0,853
$MUC4^A/MUC4^A$	40	0,533	$MUC4^A$	0,767
$MUC4^A/MUC4^B$	35	0,467	$MUC4^B$	0,233
$Mx1^O/Mx1^O$	61	0,813	$Mx1^O$	0,907
$Mx1^O/Mx1^P$	14	0,187	$Mx1^P$	0,093

Tabulka 2. Asociace mezi genotypy a reprodukčními znaky u plemene přeštické černostrakaté

Genotyp	Vrh	N	Počet selat (ks)					
			všech narozených		živě narozených		dochovaných	
			x	s _x	x	s _x	x	s _x
$MC4R^A/MC4R^A$	1.	20	10,23	0,65	10,11	0,61	9,79	0,53
	2.	22	11,14	0,61	10,98	0,56	10,36	0,49
	3.–6.	65	11,26	0,28	10,54	0,26	9,31	0,22
$MC4R^A/MC4R^B$	1.	34	10,02	0,44	9,62	0,41	8,92	0,36
	2.	37	10,36	0,43	9,98	0,40	9,16	0,35
	3.–6.	100	11,18	0,25	10,47	0,23	9,46	0,20
$MC4R^B/MC4R^B$	1.	15	10,27	0,63	10,15	0,60	9,31	0,52
	2.	15	11,15	0,65	9,90	0,60	9,03	0,53
	3.–6.	27	11,85	0,53	10,93	0,54	9,70	0,42
$FUT1^A/FUT1^G$	1.	19	10,03	0,63	9,82	0,59	9,24	0,51
	2.	21	11,50	0,59	10,74	0,54	9,85	0,48
	3.–6.	46	11,35	0,36	10,72	0,36	9,87	0,32
$FUT1^G/FUT1^G$	1.	50	10,32	0,39	10,10	0,37	9,44	0,32
	2.	53	10,27	0,40	9,83	0,37	9,19	0,32
	3.–6.	146	11,29	0,20	10,51	0,19	9,31	0,16
$MUC4^A/MUC4^A$	1.	37	10,24	0,48	10,12	0,45	9,61	0,39
	2.	40	10,67	0,48	10,14	0,45	9,38	0,39
	3.–6.	96	11,17	0,20	10,46	0,20	9,41	0,19
$MUC4^A/MUC4^B$	1.	32	10,11	0,53	9,80	0,50	9,07	0,43
	2.	34	11,10	0,49	10,43	0,45	9,65	0,40
	3.–6.	96	11,44	0,28	10,66	0,27	9,48	0,21
$Mx1^O/Mx1^O$	1.	56	10,14	0,38	9,74	0,36	9,10	0,31
	2.	60	11,27	0,38	10,52	0,35	9,64	0,31
	3.–6.	154	11,21	0,19	10,50	0,19	9,42	0,16
$Mx1^O/Mx1^P$	1.	13	10,21	0,69	10,17	0,65	9,59	0,56
	2.	14	10,50	0,66	10,05	0,61	9,39	0,54
	3.–6.	38	11,66	0,44	10,79	0,39	9,55	0,33

Tabulka 3. Asociace mezi genotypy a produkčními znaky u plemene přeštické černostrakaté

Genotyp	N	Průměrná výška hřbetního tuku (mm)		Podíl svaloviny (%)		Průměrný denní přírůstek (g)	
		x	s _x	x	s _x	x	s _x
<i>MC4R^A/MC4R^A</i>	22	1,11	0,05	58,46	0,50	531,3	7,0
<i>MC4R^A/MC4R^B</i>	38	1,07	0,04	58,79	0,36	539,4 ^a	5,1
<i>MC4R^B/MC4R^B</i>	15	1,14	0,05	58,38	0,54	518,8 ^a	7,5
<i>FUT1^A/FUT1^G</i>	22	1,06	0,05	59,15 ^A	0,48	528,8	6,7
<i>FUT1^G/FUT1^G</i>	53	1,15	0,03	57,94 ^A	0,33	530,9	4,7
<i>MUC4^A/MUC4^A</i>	40	1,06 ^a	0,04	58,96	0,39	534,5	5,5
<i>MUC4^A/MUC4^B</i>	35	1,15 ^a	0,04	58,13	0,41	525,2	5,8
<i>Mx1^O/Mx1^O</i>	61	1,10	0,03	58,52	0,28	535,6	3,9
<i>Mx1^O/Mx1^P</i>	14	1,11	0,05	58,57	0,56	524,1	7,8

Hodnoty se stejnými písmeny jsou statisticky významné; malá písmena P < 0,05; velká písmena P < 0,01.

Závěr

Ve vyhodnocení asociací mezi variabilitou genu *MCR4*, *FUT1*, *MUC4* a ukazateli četnosti vrhu nebyly u prasnic plemene Pc zjištěny statisticky významné vlivy. U prasnic *MC4R^B/MC4R^B* byl zaznamenán významně nižší (P < 0,05) průměrný denní přírůstek, heterozygotní genotyp *FUT1^A/FUT1^G* byl asociován s vyšším (P < 0,01) podílem svaloviny a u prasnic *MUC4^A/MUC4^A* byla naměřena nižší (P < 0,05) výška hřbetního tuku. Stanovení genetické variability genetických markerů u plemene přeštické černostrakaté může sloužit k jeho zlepšení, i a ke srovnání jeho proměnlivosti s jinými původními plemeny prasat. Z výsledků je zřejmé, že asociace mezi polymorfismem a užitkovostí je potřeba nadále sledovat.

Seznam použité literatury

- BUSKE, B.; STERNSTEIN, I.; REIBMANN, M.; REINECKE, P.; BROCKMANN, G. Analysis of association of GPX5, FUT1 and ESR2 genotypes with litter size in a commercial pig cross population. Arch. Tierz., 49, 2006, 259–268.
- CIRERA, S.; FREDHOLM, M.; JOERGENSEN, C.B.; ARCHIBALD, A.; ANDERSSON, L.; EDFORS-LILJA, I. Porcine polymorphisms and methods for detecting them. 2004, Patent WO2004048606.
- ČEPICA, S.; HOJNÝ, J.; HRADECKÝ, J.; KLAUDY J. Study on the sensitivity to halothane and associations between HAL and PHI, H -loci, A -loci, and S -loci in the pigs of Prestitzer black-pied breed. Živ. Výr., 27, 1982, 587–593.
- DOMINO, S.E.; ZHANG, L.; GILLESPIE, P.J.; SAUNDERS, T.L.; LOWE, J.B. Deficiency of reproductive tract alpha (1,2) fucosylated glycans and normal fertility in mice with targeted deletions of the FUT1 or FUT2 alpha (1,2)fucosyltransferase locus. Mol. Cell. Biol., 21, 2001, 8336–8345.

- DVOŘÁK, J.; VRTKOVÁ, I. Genotypy a alely markeru odolnosti vůči průjmům selat. Náš Chov, 65, 2005, 48–49.
- FAN, B., ONTERU, S.K.; PLASTOW, G.S.; ROTHSCHILD, M.F. Detailed characterization of the porcine MC4R gene in relation to fatness and growth. Anim. Genet., 40, 2009, 401–409.
- FILISTOWICZ, M.; JASEK, S. Preliminary study on the effect of FUT1 and MUC4 loci on the fertility of sows and on breeding success of piglets. Acta fytotechnica et zootechnica – Mimoriadne číslo Nitra, Slovaca Universitas Agriculturae Nitriae, 2006, 23.
- FISHER, P.; MELLETT, F.D.; HOFFMAN, L.C. Halothane genotype and pork quality. 1. Carcass and meat quality characteristics of three halothane genotypes. Meat Sci., 54, 2000, 97–105.
- GARCIA-MACIAS, J.A.; GISPERT, M.; OLIVER, M.A.; DIESTRE, A.; ALONSO, P.; MUNOZ-LUNA, A.; SIGGENS, K.; CUTHBERT-HEAVENS, D. The effects of cross, slaughter weight and halothane genotype on leanness and meat and fat quality in pig carcasses. Anim. Sci., 63, 1996, Part 3, 487–496.
- HE, W.M.; JIANG Y.F.; LUO W.H.; HUANG J.W.; ZHANG Y.J.; LI M. Q.; LIU B.Z. Pathogenic diagnosis and epidemiological investigation on edema disease of pigs. Acta. Agri. Boreali-Occidentails Sinica, 10, 2001, 1–5.
- HORÁK, P.; URBAN, T.; DVOŘÁK, J. Genetic variability of the CRC and MYF4 genes in genetic resource, Přeštické Black-Pied pig. Arch. Tierz., 47, 2004, 231–238.
- HORÁK, P.; URBAN T.; DVOŘÁK J. The FUT1 and ESR genes – their variability and associations with reproduction in Přeštické Black-Pied sows. J. Anim. Breed. Genet., 122, 2005, 210–213.
- HORÁK, P.; KUNSTOVÁ, J.; KNOLL, A. Polymorfismus genu FUT1 u přeštického černostrakatého prasete. Proceed. of the Inter. Scientific Conference XXth Genetic Days, 2002, 83–84.

- HUMPOLÍČEK, P.; URBAN, T.; MATOUŠEK, V.; TVRDOŇ, Z. Effect of estrogen receptor, follicle stimulating hormone and myogenin genes on the performance of Large White sows. *Czech J. Anim. Sci.*, 52, 2007, 334–340.
- CHANNON, H.A.; PAYNE, A.M.; WARNER, R.D. Halothane genotype, pre-slaughter handling and stunning method all influence pork quality. *Meat Sci.*, 56, 2000, 291–299.
- JIANG, X.P.; LIU Y.G.; XIONG Y.Z.; DENG C.Y. Effects of FUT1 gene on meat quality and carcass traits in swine. *Hereditas (Beijing)*, 27, 2005, 566–570.
- JOKUBKA, R.; MAAK, S.; KERZIENE, S.; SWALVE, H.H. Association of a melanocortin 4 receptor (MC4R) polymorphism with performance traits in Lithuanian White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 2006, 17–22.
- KADARMIDEEN, H.N. Biochemical, ECF18R, and RYR1 gene polymorphisms and their associations with osteochondral disease and production traits in pigs. *Biochem. Genet.*, 46, 2008, 41–53.
- KAHÁNKOVÁ, L.; DVOŘÁK, J.; NEBOLA, M.; VRTKOVÁ, I.; HRADIL, R. Diversity of the populations of Large White and Landrace breed in the Czech Republic in the 1995 from the standpoint of genotypes RYR. *Živ. Vým.*, 41, 1996, 285–289.
- KLUKOWSKA, J.; URBANIAK, B.; SWITONSKI, M. High frequency of M307(A) mutation at FUT1 locus, causing resistance to oedema disease, in an autochthonous Polish pig breed, the Zlotnicka Spotted. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116, 1999, 519–524.
- LIU, X.D.; XIANG, A.L.; FANG, M.D.; CAO, Y.; WU, Z.F.; ZHAO, S.H. QTL and association analysis of Mx1 gene with economic traits in commercial pigs. *J. Anim. Vet. Adv.*, 9, 2010, 774–778.
- LOPEZ, S.H.H.; FLORES, C.L.; MORALES, R.A.; HARO, J.G.H. Effect of candidate genes on reproductive traits of sows. *Rev. Cient-Fac. Cien. V.*, 16, 2006, 648–654.
- LUO Y.R.; QIN X.T.; LI H.J.; ZHANG Q. Association between the polymorphism in FUT1 gene and the resistance to PWD and ED in three pig breeds. *Asian. Austral. J. Anim.*, 23, 2010, 1268–1275.
- LYADSKIY, K.; GETYA, A.A.; POCHEARNYAEV, K.F. Association of the Asp298Asn polymorphism in the MC4R gene with back fat thickness in pigs of the Large White breed. *Cytol. Genet.*, 45, 2011, 106–109.
- MATOUŠEK, V.; KERNEROVÁ, N.; KOLAŘIKOVÁ, O.; KŘÍŽOVÁ, H.; URBAN, T.; VRTKOVÁ, I. Effect of RYR1 and ESR genotypes on the fertility of sows of Large White breed in elite herds. *Czech J. Anim. Sci.*, 48, 2003, 129–133.
- MEIJERINK, E.; NEUENSCHWANDER, S.; FRIES, R.; DINTER, A.; BERTSCHINGER, H.U.; STRANZINGER, G.; VÖGELI, P. A DNA polymorphism influencing a (1,2) fucosyltransferase activity of the pig FUT1 enzyme determines susceptibility of small intestinal epithelium to *Escherichia coli* F18 adhesion. *Immunogenetics*, 52, 2000, 129–136.
- NAKAJIMA, E.; MOROZUMI, T.; TSUKAMOTO, K.; WATANABE, T.; PLASTOW, G.; MITSUHASHI, T. A naturally occurring variant of porcine Mx1 associated with increased susceptibility to influenza virus in vitro. *Biochem., Genet.*, 45, 2007, 11–24.
- NOGUERA, J.L.; VARONA, L.; GÓMEZ-RAYA, L.; SÁNCHEZ, A.; BABOT, D.; ESTANY, J.; MESSER, L.A.; ROTHSCHILD, M.; PÉREZ-ENCISO, M. Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance. *Livest. Prod. Sci.*, 82, 2003, 53–59.
- PALM, M.; LEROY, M.; THOMAS, A.; LINDEN, A.A.; DESMECHT, D. Differential anti-influenza activity among allelic variants at the *Sus scrofa* Mx1 locus. *J. Interferon Cytokine Res.*, 27, 2007, 147–155.
- PIÓRKOWSKA, K.; TYRA M.; ROGOZ, M.; ROPKA-MOLIK, K.; OCZKOWICZ, M.; RÓZYCKI, M. Association of the melanocortin – 4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Sci.*, 85, 2010, 297–301.
- SELLWOOD, R. *Escherichia coli* diarrhoea in pigs with and without the K88 receptor. *Vet. Rec.*, 105, 1979, 228–230.
- SELLWOOD, R.; GIBBONS, R.A.; JONES, G.W.; RUTTER, J.M. Adhesion of enteropathogenic *Escherichia coli* to pig intestinal brush borders: the existence of two pig phenotypes. *J. Med. Microbiol.*, 8, 1975, 405–411.
- SHORT, T.H.; ROTHSCHILD, M.F.; SOUTHWOOD, O.I.; MCLAREN, D.G.; DE VRIES, A.; VAN DER STEEN, H.; ECKARDT, G.R.; TUGGLE, C.K.; HELM, J.; VASKE, D.A.; MILEHAM, A.J.; PLASTOW, G.S. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J. Anim. Sci.*, 75, 1997, 3138–3142.
- STACHOWIAK, M.; SZYDŁOWSKI, M.; OBARZANEK-FOJT, M.; SWITONSKI, M. An effect of a missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene on production traits in Polish pig breeds is doubtful. *Anim. Genet.*, 37, 2006, 55–57.
- SZYDNER-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.*, 28, 2010, 37–145.
- TOR, M.; ESTANY, J.; VILLALBA, D.; CIBILÓ, D.; TIBAU, J.; SOLER, J.; SANCHEZ, A.; NOGUERA, L. A within-breed comparison of RYR1 pig genotypes for performance, feeding behaviour, and carcass, meat and fat quality traits. *J. Anim. Breed. Genet.*, 118, 2001, 417–427.
- VAN DEN BROECK, W.; COX, E.; OUDEGA, B.; GODDEERIS B.M. The F4 fimbrial antigen of *Escherichia coli* and its receptors. *Vet. Microbiol.*, 71, 2000, 223–244.

- VAN DEN MAAGDENBERG, K.; STINCKENS, A.; CLAEYS, E.; SEYNAEVE, M.; CLINQUART, A.; GEORGES, M.; BUYS, N.; DE SMET S. The Asp298Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality. *Animal*, 1, 2007, 1089–1098.
- VÖGELI, P.; BERTSCHINGER, H.U.; STAMM, M.; STRICKER, C.; HAGGER, C.; FRIES, R.; RAPACZ, J.; STRANZINGER, G. Genes specifying receptors for F18 fimbriated *Escherichia coli*, causing oedema disease and postweaning diarrhoea in pigs, map to chromosome 6. *Anim. Genet.*, 27, 1996, 321–328.
- VRTKOVÁ, I.; DVOŘÁK, J. Genetic variability in the ESR locus in pigs of the Landrace and Large White breeds kept in the Czech Republic. *Czech. J. Anim. Sci.*, 46, 2001, 185–187.
- VRTKOVÁ, I.; DVOŘÁK, J. Allele frequency of markers of tolerance to diarrhoea (FUT1, MUC4) and virus disease (Mx1) in pigs in the Czech Republic. In *Proceedings of the 30th International Conference on Animal Genetics*, Porto Seguro, Brazil. 2006, August 20–25.
- VRTKOVÁ, I.; MATOUŠEK, V.; STEHLÍK, L.; ŠRUBAŘOVÁ, P.; OFFENBARTEL, F.; KERNEROVÁ, N. Genomic markers important for health and reproductive traits in pigs. *Research in Pig Breeding*, 1, 2007a, 4–6.
- VRTKOVÁ, I.; DVOŘÁK, J.; MATOUŠEK, V.; KERNEROVÁ, N. MC4R and FUT1 genes in sows of Large White breed in the Czech Republic. In *Book of Abstracts of the 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production*. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2007b, 95.
- WANG, X.; WANG, A.; FU, J.; LIN, H. Effect of ESR1, FSHB and RBP4 genes on litter size in a Large White and a Landrace Herd. *Arch. Tierz.*, 49, 2006, 64–70.
- YAN, X.M.; REN, J.; GUO, Y.M.; DING, N.S.; CHEN, K.F.; GAO, J.; AI, H.S.; CHEN, C.Y.; MA, J.W.; HUANG, L.S. Research on the genetic variations of $\alpha 1$ – fucosyltransferase (FUT1) gene in 26 pig breeds. *Yi Chuan Xue Bao*, 30, 2003, 9830–834.

Práce vznikla za finanční podpory projektu MSM 6007665806.