

**ZAŁĄCZNIK II**  
**AUTOREFERAT**  
**(OPIS DOROBKU I OSIĄGNIĘĆ NAUKOWYCH)**

**DR INŻ. MAGDALENA SZYNDLER-NĘDZA**

INSTYTUT ZOOTECHNIKI PIB W KRAKOWIE  
DZIAŁ GENETYKI I HODOWLI ZWIERZĄT  
ul. Sarego 2  
31-047 Kraków  
Tel. 666 081 142  
e-mail: [magdalena.szyndler@izoo.krakow.pl](mailto:magdalena.szyndler@izoo.krakow.pl)

**KRAKÓW 2017**

---

## 1. Dane personalne

Imię i nazwisko: Magdalena Szyndler-Nędza  
Data urodzenia: 27.05.1971  
Miejsce urodzenia: Kraków

Miejsce pracy: Instytut Zootechniki PIB  
ul. Sarego 2  
31-047 Kraków

Dane kontaktowe: Instytut Zootechniki PIB  
ul. Krakowska 1  
32-083 Balice  
Tel. 666 081 142  
e-mail: magdalena.szyndler@izoo.krakow.pl

## 2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe – z podaniem nazwy, miejsca i roku ich uzyskania oraz tytułu rozprawy doktorskiej

12.07.1995 Akademia Rolnicza im Hugona Kołłątaja w Krakowie, Wydział Zootechniczny, specjalność hodowla zwierząt gospodarskich, stopień magistra inżyniera – z wyróżnieniem Praca magisterska pt. „Interakcja rewerstrójodotyroniny i insuliny w metabolizmie glukozy u kur - aktywność układu podwzgórze-przysadka-nadnercza”, promotor: prof. dr hab. Józef Niezgoda

14.02.2004 Instytut Zootechniki w Krakowie, stopień doktora nauk rolniczych –praca doktorska pt. „Opracowanie równań regresji do przyżyciowego szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszy”, promotor: prof. dr hab. Marian Różycki

## 3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych

11.12.1995 – 31.08.1997 specjalista w Zakładzie Hodowli Trzody Chlewnej Instytutu Zootechniki w Krakowie

01.09.1997 – 30.05.2004 asystent w Zakładzie Hodowli Trzody Chlewnej Instytutu Zootechniki w Krakowie

od 01.06.2004 adiunkt po restrukturyzacji Instytutu (01.05.2004) w Dziale Genetyki i Hodowli Zwierząt Instytutu Zootechniki w Krakowie

#### 4. WSKAZANIE OSIĄGNIĘCIA STANOWIĄCEGO PODSTAWĘ POSTĘPOWANIA HABILITACYJNEGO

Osiągnięciem naukowym wynikającym z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.) jest jednotematyczny cykl publikacji naukowych pt. „**Kondycja loch, skład mleka i wyniki odchowu prosiąt, w zależności od genotypu matki w locus genów wspomagających utrzymanie homeostazy w organizmie i związanych z jakością tuszy i mięsa świń (MC4R, LEPR, DGATI).**”

##### *Publikacje wchodzące w skład rozprawy habilitacyjnej:*

H1. **Szyndler-Nędza M.**, Ropka Molik K., Piórkowska K. (2016). Changes in body weight and fatness of sows during reproductive activity depending on LEPR and MC4R genes polymorphism. *Livestock Science* 192 :25-32. (IF=**1,377**; MNiSW<sub>2016</sub>=**30**, MNiSW<sub>2013-2016</sub>=**35**)

*Indywidualny wkład (90%): pomysłodawca koncepcji przeprowadzenia badań, planowanie doświadczeń, analiza i typowanie zwierząt do badań, gromadzenie danych użytkowych do analiz statystycznych i materiału biologicznego do analiz genetycznych, przeprowadzanie analiz statystycznych na podstawie zgromadzonych danych użytkowych i wyników oznaczeń genetycznych, analiza uzyskanych wyników, sformułowanie wniosków, przygotowanie manuskryptu, autor korespondencyjny.*

H2. **Szyndler-Nędza M.**, Piórkowska K., Ropka -Molik K. (2017). Condition of sows during reproductive activity depending on lipid metabolism gene (*DGATI*) polymorphism. *Annals of Animal Science* 17, 3: 717-731 (IF=**0,731**; MNiSW<sub>2016</sub>=**15**, MNiSW<sub>2013-2016</sub>=**20**)

*Indywidualny wkład (90%): pomysłodawca koncepcji przeprowadzenia badań, planowanie doświadczeń, analiza i typowanie zwierząt do badań, gromadzenie danych użytkowych do analiz statystycznych i materiału biologicznego do analiz genetycznych, przeprowadzanie analiz statystycznych na podstawie zgromadzonych danych użytkowych i wyników oznaczeń genetycznych, analiza uzyskanych wyników, sformułowanie wniosków, przygotowanie manuskryptu, autor korespondencyjny.*

H3. **Szyndler-Nędza M.**, Ropka -Molik K. (2015). Association of MC4R and LEPR loci with reproductive performance and milk composition of sows. *Animal Science Papers and Reports*. 33, 3:267-276. (IF=**0,623**; MNiSW<sub>2016</sub>=**25**, MNiSW<sub>2013-2016</sub>=**25**, cytowania - **1**)

*Indywidualny wkład (80%): pomysłodawca koncepcji przeprowadzenia badań, planowanie doświadczeń, analiza i typowanie zwierząt do badań, gromadzenie danych użytkowych i materiału biologicznego do analiz genetycznych, przeprowadzanie analiz statystycznych na podstawie zgromadzonych danych użytkowych i wyników oznaczeń genetycznych, analiza uzyskanych wyników, sformułowanie wniosków, wiodący udział w przygotowaniu manuskryptu, autor korespondencyjny.*

H4. **Szyndler-Nędza M.**, Piórkowska K. (2015). Effect of *DGATI* gene mutation in sows of dam-line on the composition of the produced milk and piglet rearing during 21-day lactation. *African Journal of Biotechnology*. 14,31: 2478-2483 (IF=-; MNiSW=-) (w roku 2011 IF=0,57, MNiSW=15)

*Indywidualny wkład (80%): pomysłodawca koncepcji przeprowadzenia badań, planowanie doświadczeń, analiza i typowanie zwierząt do badań, gromadzenie danych użytkowych do analiz statystycznych i materiału biologicznego do analiz genetycznych, przeprowadzanie analiz statystycznych na podstawie zgromadzonych danych użytkowych i wyników oznaczeń genetycznych, analiza uzyskanych wyników, sformułowanie wniosków, wiodący udział w przygotowanie manuskryptu, autor korespondencyjny.*

H5. **Szyndler-Nędza M.** (2016). Coefficients of repeatability for colostrum and milk composition of PLW and PL sows over three consecutive lactations. *Livestock Science* 185: 56-60. (IF=**1,377**; MNiSW<sub>2016</sub>=**30**, MNiSW<sub>2013-2016</sub>=**35**)

*Indywidualny wkład (100%): pomysłodawca koncepcji przeprowadzenia badań, planowanie doświadczeń, analiza i typowanie zwierząt do badań, gromadzenie danych użytkowych do analiz statystycznych, przeprowadzanie analiz statystycznych, analiza uzyskanych wyników, sformułowanie wniosków, przygotowanie manuskryptu, autor korespondencyjny.*

- Łączna wartość punktowa MNiSW powyższych publikacji wynosi **100** punktów wg zarejestrowanych kryteriów Ministra Nauki i Szkolnictwa Wyższego zgodnie z rokiem publikacji oraz **115** punktów zgodnie z kompleksową oceną czasopism w latach 2013-2016.
- Sumaryczny Impact Factor publikacji wg listy *Journal Citation Reports (JCR)* wynosi **4,108**

Oświadczenia współautorów wyżej wymienionych prac wraz z określeniem ich indywidualnego wkładu stanowi załącznik nr 6.

**SYNTETYCZNE OMÓWIENIE PUBLIKACJI WCHODZĄCYCH W SKŁAD ROZPRAWY**

W pracach hodowlanych jedną z cech uwzględnianych w selekcji młodych knurów i loszek jest ocena jakości tuszy. Obecnie przy intensywnym wzroście mięsności tusz tuczników ważną cechą stała się również jakość mięsa. Jest ona ściśle związana z zawartością białka i tłuszczu w tuszy, w tym tłuszczu podskórnego i śródmięśniowego (IMF) (Hausman i in., 2009). Otluszczenie zwierząt uzależnione jest zarówno od czynników środowiskowych jak i od genotypu danego osobnika. W wielu opracowaniach naukowych wskazuje się na możliwość wykorzystania w selekcji świń polimorfizmu niektórych genów jako markerów genetycznych (markers assisted selection - MAS) wpływających na zmienność cech fenotypowych. Wśród genów kandydujących, związanych z jakością tuszy i mięsa świń, znajdują się między innymi geny wspomagających utrzymanie homeostazy w organizmie *LEPR*, *MC4R* i *DGATI* (Zhang i in., 2014).

W pewnym stopniu poznano zakres działania polimorfizmów wspomnianych genów na cechy użytkowości tucznej i rzeźnej świń. W polskiej populacji świń stwierdzono, że polimorfizm genu *MC4R* (c.1426G>A) wpływa na cechy związane z pobieraniem paszy oraz otluszczeniem tuszy (Piórkowska i in., 2010). W badaniach dotyczących polimorfizmu *LEPR/HpaII*, stwierdzono jego związek z grubością słoniny grzbietowej (Ovilo i in., 2002). W polskiej populacji świń wykazano zależność pomiędzy jego ekspresją w tkankach a grubością słoniny grzbietowej i zawartością tłuszczu śródmięśniowego (IMF) (Tyra i in., 2011). Spośród badań dotyczących wpływu polimorfizmu genu *DGATI* na cechy użytkowe świń wykazano, że mutacje w nim występujące istotnie wpływały na zróżnicowanie grubości słoniny, procentowej zawartości tłuszczu i stopnia marmurkowatości (Zuo Zuo, 2008), zawartości mięsa w tuszy (AG>AA) (Weisz i in., 2011) oraz na cechy fizykochemiczne mięsa (Zhang i in., 2014).

Wiadomym jest również, że geny *LEPR* i *MC4R* poprzez udział w szlaku melanokortynowym inicjowanym przez leptynę pośrednio uczestniczą także w regulacji procesów związanych z reprodukcją (Hausman i Barb, 2010; Barb i in., 2005). Ekspresja genów *LEPR* i *LEP* w tkankach endometrium loch i embrionów w 25 dniu ciąży wskazuje, że obydwie geny mogą pełnić ważną rolę w okresie wczesnego rozwoju zarodka (Guay i in., 2001). Także gen *DGATI* uczestnicząc w syntezie triglicerydów w mleku loch, może wpływać na skład mleka matek (Lv i in., 2015).

Powyższa wiedza daje podstawy do stwierdzenia, że w przypadku świń ras matecznych, cechujących się wysokimi wartościami parametrów użytkowości rozplodowej, wykorzystanie markerów genetycznych w selekcji ukierunkowanej na pobieranie paszy i zmniejszenie otluszczenia świń, może wpłynąć na procesy fizjologiczne związane użytkowością rozplodową, a poprzez to na wyniki użytkowości rozplodowej loch w czasie ich dalszego użytkowania. Wynika to z faktu, że poziom otluszczenia lochy w czasie cyklu reprodukcyjnego wpływa na zróżnicowanie parametrów biochemicznych krwi i mleka loch (Rekiel i in. 2011). Od kondycji lochy (masy ciała, otluszczenia) w czasie ciąży zależą też jej wyniki reprodukcyjne, czyli przede wszystkim liczba urodzonych prosiąt

(Matysiak i in., 2007; Wientjes i in., 2013; Decaluwe i in., 2013). Pozostawianie w hodowli osobników o genotypie  $MC4R^{GG}$  warunkującym niskie pobranie paszy i niewielkie otluszczenie tuszy, w przypadku loch, skutkować może pogorszeniem wyników w rozrodzie tych zwierząt. W związku z powyższym, analizując zależności pomiędzy mutacjami w locus genów związanych z metabolizmem tłuszczów w organizmie, a cechami jakości tuszy i mięsa młodych zwierząt, należy jednocześnie oszacować wpływ tych mutacji, szczególnie u swn ras matecznych, na kształtowanie się kondycji loch w czasie kolejnych laktacji oraz wyniki odchowu prosiąt. Interesującym jest również poznanie wpływu tych genów na skład mleka karmiących samic. Jak dotąd nie było prowadzonych badań w tym zakresie i to skłoniło mnie do zajęcia się tym zagadnieniem.

W toku przeprowadzonych badań dokonano szczegółowej analizy, mającej na celu zbadanie czy i w jakim stopniu polimorfizm genów związanych z jakością tuszy i mięsa swn: *LEPR*, *MC4R* (**H1** -w wykazie publikacji wchodzących w skład rozprawy habilitacyjnej) i *DGATI* (**H2**), może wpływać na kondycję młodych loszek, a następnie kondycję loch i wyniki odchowywanych przez nie prosiąt (w tym skład mleka **H3** i **H4**) w czasie trzech kolejnych laktacji. Badania przeprowadzono na populacji swn ras matecznych (wielkiej białej polskiej i polskiej białej zwisłouchej) utrzymywanych w ujednoliconych warunkach w Zakładzie Doświadczalnym Instytutu Zootechniki PIB w Żernikach Wielkich Sp. z o.o. Objęto nimi 58 loszek rasy wielkiej białej polskiej (wbp) i 65 polskiej białej zwisłouchej (pbz). Uwzględnione w badaniach loszki, zostały w wieku około 180 dnia życia zważone. W tym samym czasie zmierzono ich grubość słoniny na grzbiecie, w punkcie P2, aparatem ultradźwiękowym Piglog 105. Pomiaru te wykonywano również w ciągu trzech kolejnych cykli reprodukcyjnych tych loch w dniu krycia, porodu oraz po odsadzeniu prosiąt. Dla każdego miotu określano liczbę oraz masę prosiąt w 1. i 21. dniu życia. Od loch, przez trzy kolejne laktacje, pobierano próbki siary i mleka z sutka pierwszego, trzeciego i szóstego. Schłodzone próbki świeżego mleka były dostarczone do Laboratorium Oceny i Analiz Mleka Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu w celu oznaczenia zawartości tłuszczu, białka ogólnego, laktozy, suchej masy. Lochy i prosięta utrzymywane były w chlewniach o standaryzowanych warunkach mikroklimatycznych. Żywnione były tymi samymi paszami (mieszkankami pełnoporcjowymi) podawanymi w dawkach, zgodnie z wymogami dla każdej z badanych grup technologicznych. Stosowano również żywienie bodźcowe tzw. flushing.

Po wyizolowaniu DNA z krwi loch oznaczono mutację w genie: *MC4R* (G1426A) według Burgos i in. (2006), *LEPR* wykrywanej enzymem *HpaII* (*MspI*) według Stratil i in. (1998) oraz *DGATI* A/G (rs45434075) wykrywanej enzymem *AvaII*, według Nonneman i Rohrer (2002).

W genie *DGATI* zidentyfikowano również drugą mutację, g.609236G>A (rs342152658). Oznaczono ją stosując metodę PCR-RFLP i startery F: TGGTCCATGCTGCCTCCT i R: AACCTCCCTCAACCTGCTG. Otrzymany produkt PCR o wielkości 192 par zasad strawiono enzymem *AvaI*, który rozpoznaje pojedyncze podstawienie G lub A w 3'UTR w pozycji 1894

transkryptu *DGATI*. Badania identyfikacji polimorfizmów genów przeprowadzono w Laboratorium Działu Genomiki i Biologii Molekularnej Zwierząt Instytutu Zootechniki - PIB.

Efektom przeprowadzonych prac było określenie zmian kondycji loch ras wbp i pbz w czasie trzech cykli reprodukcyjnych (**H1**). Loszki utrzymywane w ujednoczonych warunkach środowiskowo-żywniowych początkowo cechowały się podobną masą ciała i grubością słoniny w punkcie P2, zarówno w dniu oceny jak i w kolejnych okresach pierwszego cyklu reprodukcyjnego. W późniejszym okresie użytkowania rozplodowego zaobserwowano pojawiające się różnice w kondycji loch między rasami. W ciągu trzech cykli reprodukcyjnych (CR) (od krycia w CR1 do odsadzenia prosiąt w CR3) lochy wbp, w porównaniu do loch pbz, cechowały się większym przyrostem masy ciała (średni przyrost MC = 29,7kg/CR) i grubością słoniny w punkcie P2 (średnia P2=0,8mm/CR). U loch rasy pbz zwiększanie masy ciała i grubości słoniny P2 następowało odpowiednio 26,2kg/CR i 0,6mm/CR. Określone w pracy różnice pomiędzy rasami wbp i pbz w otłuszczeniu loch w pierwszym i drugim cyklu reprodukcyjnym były zgodne z wynikami badań Knecht i in. (2014), w których wykazano, że lochy wbp w dniu pierwszego krycia miały istotnie cieńszą słoninę aniżeli lochy pbz. Na podstawie przeprowadzonych analiz (**H1**) stwierdzono również, że występujące różnice w masie ciała i otłuszczeniu loch ras matecznych w czasie trzech cykli reprodukcyjnych nie wpłynęły na istotne zróżnicowanie wyników odchowywanych przez nie prosiąt.

Przy jednakowym utrzymaniu i żywieniu zwierząt, wpływ na występującą różnicę między rasami w grubości słoniny grzbietowej ma genotyp. Aspekt ten jest szeroko opisywany przez wielu autorów, którzy stwierdzili między innymi wpływ pojedynczego polimorfizmu w genach *MC4R* i *LEPR* na pobieranie paszy i otłuszczenie tuszy świń (Van den Magagdenberg i in., 2007; Piórkowska i in., 2010; Hirose i in., 2014; Ovilo i in., 2006). Podejmując się w przeprowadzonych badaniach (**H1**), analizy wpływu powyższych polimorfizmów genów na otłuszczenie samic, w przeciwieństwie do wyników prezentowanych przez powyższych autorów, nie wykazano wpływu pojedynczego polimorfizmu genu *MC4R* i *LEPR* na grubość słoniny i masę ciała loszek obu ras, ani loch w ciągu trzech kolejnych cykli reprodukcyjnych. Mutacje te nie miały również wpływu na wyniki odchowywanych przez lochy prosiąt.

W przypadku genu *DGATI* A/G (rs45434075) w przeprowadzonych badaniach (**H2**) stwierdzono tylko w jednej z analizowanych ras (wbp) wpływ tej mutacji, na grubość słoniny grzbietowej loszek. Loszki wbp posiadające w genotypie allel A tego genu (*DGATI<sup>AA</sup>* i *DGATI<sup>AG</sup>*) cechowały się mniejszą grubością słoniny w dniu oceny, aniżeli loszki homozygotyczne *DGATI<sup>GG</sup>* (AA, AG<GG, P≤0,05). W przypadku loch rasy pbz nie wykazano istotnych zależności. Wyniki te znajdują potwierdzenie w pracach innych autorów, którzy stwierdzają, jak w przypadku rasy pbz, brak wpływu tego polimorfizmu na grubość słoniny grzbietowej (Weisz i in., 2011; Renaville i in., 2015), lub wykazują efekt genu *DGATI* tylko w jednej z analizowanych ras: Yorkshire (Zuo Zuo 2008).

W przypadku polimorfizmu genu *DGATI* G/A 3'UTR (rs342152658), jego wpływ na analizowane cechy określono tylko w rasie pbz. U loch tej rasy wykazano istotnie ujemną ( $P \leq 0,01$ ) zależność polimorfizmu G/A 3'UTR genu *DGATI* z grubością słoniny P2 loszek (AA>AG>GG,) w dniu oceny, a także w kolejnych okresach cyklu reprodukcyjnego loch. Stwierdzono również, że w dniu porodu lochy pbz o genotypie *DGATI*<sup>AG</sup> uzyskały grubszą słoninę o 2,33 mm w porównaniu do loch o genotypie *DGATI*<sup>GG</sup> (AG>GG,  $P \leq 0,05$ ), co w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych, przełożyło się na lepsze wyniki odchowu prosiąt przez samice heterozygotyczne (AG>GG,  $P \leq 0,01$ ).

Wśród prac publikowanych niejednokrotnie spotyka się odmienne rezultaty badań dotyczące wpływu pojedynczego polimorfizmu genów na cechy tuczne świń w różnych rasach. Wynikać to może z oddziaływania na te same cechy różnych SNP genów oraz występującej między nimi interakcji (Fan i in. 2009; Kim i in. 2006). Teza ta została potwierdzona w przeprowadzonych badaniach (**H1**, **H2**). Wykazano bowiem statystycznie istotny wpływ efektu interakcji pomiędzy genotypami *LEPR* i *MC4R* (**H1**) na niektóre cechy tuczne i rozplodowe w ciągu trzech kolejnych laktacji. Lochy heterozygotyczne o genotypie *LEPR*<sup>AB</sup>/*MC4R*<sup>AG</sup> (1) cechowały się największymi przyrostami masy ciała i grubości słoniny w punkcie P2 w okresie od dnia ich oceny do odsadzenia prosiąt w CR3. Jednocześnie lochy te rodziły prosięta o niskiej masie urodzeniowej (średnio 1,43kg). Najmniejszy przyrost masy ciała i grubości słoniny w analizowanym okresie czasu uzyskały lochy o genotypie *LEPR*<sup>AB</sup>/*MC4R*<sup>GG</sup> (2), a urodzone przez nie prosięta cechowały się istotnie większą masą ciała w porównaniu do prosiąt urodzonych przez lochy heterozygotyczne (1). Jednak już w 21 dniu laktacji masa prosiąt pochodzących od powyższych loch (1 i 2) była jedną z najwyższych (odpowiednio 5,7kg i 5,64kg) i istotnie wyższą od masy prosiąt pochodzących od loch o genotypie *LEPR*<sup>BB</sup>/*MC4R*<sup>AG</sup>.

W przeprowadzonych badaniach (**H1**) uzyskano również interesujące wyniki dla praktyki hodowlanej uwzględniającej stosowanie selekcji w oparciu o markery genetyczne (MAS) w kierunku zmniejszenia pobierania paszy i otluszczenia loszek. Wyniki te dotyczyły loch homozygotycznych o genotypach *LEPR*<sup>BB</sup>/*MC4R*<sup>AA</sup> (genotyp "niekorzystny") i *LEPR*<sup>AA</sup>/*MC4R*<sup>GG</sup> (genotyp "korzystny"). Lochy o genotypie "niekorzystnym" w czasie analizowanego okresu użytkowania rozplodowego zwiększyły swoją masę ciała proporcjonalnie o 127%, a grubość słoniny na grzbiecie w punkcie P2 o 49%. Jednocześnie lochy te, w porównaniu do loch o pozostałych genotypach rodziły prosięta o najniższej średniej masie urodzeniowej (1,41 kg). W przypadku loch o genotypie "korzystnym" wykazano, że w czasie trzech cykli reprodukcyjnych zwiększyły masę ciała proporcjonalnie o 123% i grubość słoniny grzbietowej o 67%. Ponadto lochy te, w porównaniu do pozostałych samic (poza lochami o genotypie *LEPR*<sup>AB</sup>/*MC4R*<sup>GG</sup>), w kolejnych miotach rodziły prosięta o najwyższej masie ciała (1,52kg), co jest bardzo dobrym i istotnym wynikiem. Wysoka masa urodzeniowa prosiąt jest bowiem podstawowym czynnikiem wpływającym na ich przeżywalność, tempo wzrostu i masę ciała przy odsadzeniu, a także na ich późniejszy wzrost i efektywność tuczu (Gondret i in., 2005; Rehfeldt i Kuhn 2006; Smith i in., 2007; Bocian i in., 2011).

W przypadku genu *DGATI* (**H2**), wykazano statystycznie istotny wpływ efektu interakcji pomiędzy analizowanymi genotypami (*DGATI/DGATI 3'UTR*) przede wszystkim na grubość słoniny grzbietowej w dniu oceny loszek (P2<sub>L</sub>). Osobniki o genotypie *DGATI<sup>GG/GG</sup>* (3) cechowały się istotnie najgrubszą słoniną grzbietową w porównaniu do większości analizowanych genotypów. Jednak w czasie użytkowania rozplodowego lochy te, w porównaniu do pozostałych loch, uzyskały zbliżoną masę ciała i grubość słoniny grzbietowej, ponadto odchowwały w ciągu trzech laktacji największą liczbę prosiąt, istotnie wyższą w porównaniu do loch o genotypie *DGATI<sup>AA/AG</sup>* (4). Stwierdzono również, że lochy (4), które w dniu oceny przyżyciowej uzyskały najmniejszą grubość słoniny w punkcie P2, w czasie trzech cykli reprodukcyjnych zwiększyły wartość tego parametru, szczególnie w dniu porodu i w dniu odsadzenia (wartości najwyższe spośród wszystkich genotypów). W efekcie lochy te urodziły najmniej prosiąt (istotnie mniej w porównaniu do loch o genotypie *DGATI<sup>AG/AG</sup>* i *DGATI<sup>AG/GG</sup>*). Ponadto stwierdzono, że lochy heterozygotyczne *AG/AG*, spośród loch o porównywalnej liczbie prosiąt urodzonych w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych, odchowwały prosięta o najwyższej masie ciała.

Wyniki przedstawionych prac **H1** i **H2** wskazują, że lochy (1) i (4) w reakcji anabolicznej organizmu, w okresie od krycia do porodu gromadzą nadmierne ilości tłuszczu, skutkiem tego rodzą prosięta o niższej masie ciała (1) lub mniej prosiąt w miocie (4), a następnie w reakcji katabolicznej uwalniają proporcjonalnie dużą ilość substancji potrzebnych do wyprodukowania bogatego w wartości odżywcze siary i mleka. Lochy o genotypie (2) i (3) w kolejnych cyklach reprodukcyjnych gromadzą odpowiednie zapasy białka i tłuszczu w organizmie, które umożliwiają prawidłowy rozwój i wzrost płodów, skutkiem tego rodzą odpowiednio dużą liczbę prosiąt o wysokiej masie urodzeniowej (1,5 kg), a następnie zapewnią produkcję bogatej w składniki odżywcze siary i mleka. Powyższe tezy znajdują potwierdzenie w pracach innych autorów. Wientjes i in. (2013) oraz Beyga i Rekiel (2009) wykazali, że nadmierne zwiększenie grubości słoniny w czasie ciąży między innymi wpływa istotnie na zmniejszenie masy urodzonego miotu (w badaniach **H1** lochy (1) o genotypie *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>AG</sup>*) oraz zmniejszenie liczby prosiąt urodzonych (w badaniach **H2** lochy (4) o genotypie *DGATI<sup>AA/AG</sup>*). Natomiast optymalne rezerwy tłuszczu w organizmie samic gwarantują korzystne wyniki reprodukcyjne, wynikające przede wszystkim z odpowiedniej wydajności mlecznej loch w czasie laktacji (Young i in., 2004; Decaluwe i in., 2013).

Istotnym elementem w pierwszych tygodniach odchowu prosiąt jest troskliwość macierzyńska loch i ich mleczność. Siara i mleko to pokarm, który dzięki bogactwu składników odżywczych i immunoglobulin wpływa na zwiększenie biernej odporności prosiąt. W wielu badaniach identyfikowano czynniki wpływające na jakość mleka macior. Wykazano, że na skład mleka loch poza żywieniem loch może wpływać rasa (Alston-Mills i in. 2000). Wiąże się to bowiem z różną ich odpornością na warunki środowiskowe (Gourdine i wsp 2006), co bezpośrednio rzutuje na przebieg laktacji. Ponadto na zróżnicowanie przyrostów prosiąt oraz ich masy ciała w czasie 21 dniowej laktacji może mieć wpływ różna zawartość podstawowych składników w mleku loch, w szczególności białka i

suchej masy (Babicz i in., 2011; Szyndler-Nędza i in., 2013). Obserwacje wyników odchowu prosiąt w terenie sugerują, że w ujednoliconych warunkach środowiskowo - żywieniowych fermy, lochy danej rasy nie odchowują ujednoliconych pod względem ilości i masy ciała miotów. Świadczy to o tym, że prawdopodobnie poprzez zróżnicowanie składu chemicznego mleka loch, wpływ na odchow prosiąt może mieć indywidualna wartość genetyczna matki. Wpływ mutacji genów na skład chemiczny mleka świń nie był dotąd szeroko badany. Nieliczne prace z tego zakresu wskazują na występowanie różnych zależności pomiędzy genotypem loch transgenicznych (Monaco i in., 2005) oraz rodzimych (Babicz 2008; Skrzypczak i in., 2012) a składem produkowanego przez nie mleka. Dotychczas nie było prowadzonych takich badań dla ras matecznych. W związku z tym w badaniach własnych podjęłam się szczegółowej analizy mającej na celu wykazanie wpływu polimorfizmu wybranych genów na różnicowanie składu siary i mleka loch, a poprzez to na wyniki odchowu prosiąt (**H3**, **H4**). Analizy przeprowadzono na wynikach uzyskanych od loch w drugim i trzecim cyklu reprodukcyjnym. W przypadku polimorfizmu genów *MC4R* i *LEPR*, w pilotażowych badaniach (Szyndler-Nędza i in., 2013) wykazano, że w obu rasach matecznych (wbp i pbz) kierunek działania powyższych mutacji na różnicowanie składu siary i mleka loch jest podobny. W związku z powyższym przeprowadzono kolejną analizę (**H3**) określającą wpływ pojedynczego polimorfizmu w genach *MC4R* i *LEPR* u obu ras matecznych łącznie. Badania te wykazały wpływ allelu *MC4R<sup>A</sup>* i genotypu *LEPR<sup>AA</sup>* głównie na skład siary loch. Osobniki o genotypie *MC4R<sup>AA</sup>* i *MC4R<sup>AG</sup>* miały statystycznie istotnie mniejszą zawartość tłuszczu, białka oraz suchej masy w siarze aniżeli osobniki o genotypie *MC4R<sup>GG</sup>*. Z kolei zwierzęta homozygotyczne o genotypie *LEPR<sup>AA</sup>* cechowały się statystycznie istotnie większą ( $P \leq 0,01$ ) zawartością tłuszczu, białka i suchej masy w siarze w porównaniu do loch o genotypach *LEPR<sup>AB</sup>* i *LEPR<sup>BB</sup>*. Analizując skład chemiczny mleka wykazano statystycznie istotną różnicę ( $P \leq 0,01$ ) w zawartości białka tylko dla polimorfizmu w genie *LEPR*. Osobniki heterozygotyczne *LEPR<sup>AB</sup>* charakteryzowały się najwyższą zawartością białka w mleku. Odnosząc powyższe wyniki do odchowu prosiąt stwierdzono, że prosięta pochodzące od loch o genotypie *LEPR<sup>AB</sup>* produkujących mleko o wyższej zawartości białka, cechowały się najwyższą masą ciała i szybszymi przyrostami określonymi w 7 oraz 21 dniu odchowu. Choć różnice te nie były potwierdzone statystycznie, to uzupełniają wyniki pracy **H1**, gdzie wykazano, że lochy o genotypie *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>AG</sup>* (1) oraz *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>GG</sup>* (2) okazały się matkami odchowującymi prosięta o najwyższej masie ciała. Wyniki uzyskane w przedstawionych pracach (**H3** i **H1**) wskazują, że wpływ polimorfizmu genów *MC4R* i *LEPR* jest odmienny w przypadku odkładania tłuszczu w tuszy u loch i inny przy produkowaniu bogatej w składniki odżywcze siary i mleka. Lochy homozygotyczne o genotypie *LEPR<sup>BB</sup>/MC4R<sup>AA</sup>* cechujące się większą grubością słoniny grzbietowej wyprodukowały siarę o niższej zawartości tłuszczu, białka i suchej masy (*LEPR<sup>BB</sup>* i *MC4R<sup>AA</sup>*) oraz mleko o nieco niższej zawartości tłuszczu i suchej masy (*MC4R<sup>AA</sup>*). W związku z powyższym można sądzić, że samice o genotypach przeciwnych *LEPR<sup>AA</sup>/MC4R<sup>GG</sup>* będące w dobrej kondycji, nie mając tendencji do zbytowego otluszczenia się, wykorzystywały spożywaną w czasie laktacji paszę na wzbogacenie przede

wszystkim składem produkowanej siary, a następnie mleka. Markery te mogą być wykorzystywane w selekcji świń ras matecznych w kierunku zmniejszania grubości słoniny grzbietowej, bez obawy o pogorszenie się jakości produkowanego przez nie mleka, a poprzez to wyników odchowu prosiąt.

Analizując wpływ polimorfizmu genu *DGATI A/G* (rs45434075) u loch rasy wbp i pbz (**H4**) wykazano, że lochy rasy wbp o genotypie *DGATI<sup>GG</sup>* miały istotnie więcej tłuszczu w siarze aniżeli lochy o genotypie *DGATI<sup>AA</sup>*, natomiast lochy rasy pbz o genotypie *DGATI<sup>GG</sup>* cechowały się istotnie większą zawartością białka i istotnie mniejszą zawartością laktozy w mleku aniżeli osobniki o genotypie *DGATI<sup>AA</sup>*. Jednak stwierdzone różnice w wielkości pojedynczych parametrów mleka loch obu ras były na tyle niewielkie, że nie wpłynęły na istotne zwiększenie zawartości suchej masy w mleku tych loch, ani na statystycznie istotne zróżnicowanie wyników odchowu prosiąt. W przypadku polimorfizmu w genie *DGATI G/A 3'UTR*, nie stwierdzono jego istotnego wpływu na skład siary i mleka loch rasy pbz (dane nie publikowane). Brak wpływu powyższych mutacji w genie *DGATI* na przyrosty masy ciała prosiąt świadczy, że lochy w tym układzie genetycznym niezależnie od stopnia otluszczenia dobrze odchowują urodzone prosięta, wytwarzając w reakcji katabolicznej organizmu mleko o wystarczających dla nich parametrach jakościowych. Kondycja loch ma prawdopodobnie większy wpływ na liczbę urodzonych prosiąt w miocie, co potwierdzają wyniki pracy **H2** oraz Beyga i Rekiel (2009), gdzie wykazano, że nadmierne otluszczenie loch w późnej ciąży prowadzi do zakłóceń w rozrodzie, w tym trudnych porodów i mniejszej liczby prosiąt żywo urodzonych.

Liczba prosiąt urodzonych i odchowanych w miocie od lochy to podstawowe cechy determinujące ekonomikę produkcji świń. Jednak w doskonaleniu użytkowości rozplodowej loch, realizowany postęp genetyczny był jak dotąd bardzo powolny. Wynika to z faktu, że cechy reprodukcyjne charakteryzują się niską odziedziczalnością i powtarzalnością (Su i in 2007, Distl 2007). Poszukiwano więc dodatkowych cech, które ujęte w indeks selekcyjny wpłynęłyby na poprawę wyników użytkowości rozplodowej loch. W badaniach określono współczynniki odziedziczalności dla masy prosiąt urodzonych (Canario i in., 2010), długowieczności loch (Serenius i Stadler 2004), pobrania paszy przez lochy w czasie laktacji (Gilbert i in., 2012) oraz wydajności laktacji loch i przyrostu miotu (Bergsma i in., 2008 ) uzyskując generalnie niskie wartości (od  $h^2=0,10$  do  $h^2=0,18$ ). Nie spotkano się dotąd z pracami, w których określono współczynniki odziedziczalności czy powtarzalności dla składu siary i mleka loch w kolejnych laktacjach. Wynika to z trudności pozyskania danych od odpowiednio dużej liczby loch utrzymywanych w warunkach fermowych. Więcej badań z tego zakresu przeprowadzono dla bydła, w których wykazano (Van Tassel i in., 1999; Aspilcueta-Borquis i in., 2010), że odziedziczalności dla zawartości tłuszczu i białka w mleku wahały się od  $h^2=0,26$  do  $h^2=39$ , a współczynnik powtarzalności tych cech wynosił około  $r=0,5$ . Wysoka wartość współczynnika powtarzalności dla cech mleka sugeruje, że na podstawie jednej laktacji można przewidzieć wyniki kolejnych laktacji, co w przypadku loch mogło by stanowić cenną informację o matce i jej predyspozycji do produkcji mleka o powtarzalnych parametrach w kolejnych laktacjach. W

związku z powyższym przeprowadzono badania (**H5**), których celem było oszacowanie współczynników powtarzalności ( $r$ ) dla zawartości podstawowych składników siary i mleka loch w kolejnych trzech laktacjach. Wyniki tych badań pozwolą określić możliwości zastosowania tych cech w hodowli i selekcji świń. Powtarzalność składu siary i mleka w 14 dniu laktacji szacowano w trzech kolejnych laktacjach oraz pomiędzy laktacjami 1-2, 2-3 i 1-3. Uzyskane wyniki dowodzą, że w dwóch kolejnych laktacjach (drugiej i trzeciej) najwyższą wartością współczynnika powtarzalności cechującą się zawartość laktozy ( $r=0,34$ ) i suchej masy w siarze ( $r=0,26$ ). Również w mleku loch w laktacji drugiej i trzeciej dla zawartości laktozy uzyskano najwyższy współczynnik powtarzalności ( $r=0,18$ ). Biorąc pod uwagę trzy kolejne laktacje stwierdzono, że siara produkowana przez lochy cechowała się powtarzalną zawartością przede wszystkim laktozy ( $r=0,18$ ), następnie suchej masy ( $r=0,17$ ) i białka ( $r=0,16$ ). Skład mleka w 14 dniu laktacji pierwszej nie był powtarzalny w laktacjach kolejnych. W związku z powyższym można stwierdzić, że zawartość laktozy w siarze loch pierwszej w laktacji, może być wskaźnikiem informującym o pewnej predyspozycji samicy do produkcji siary i mleka o podobnej zawartości tego parametru w kolejnych dwóch laktacjach.

Podsumowując uzyskane wyniki prac (**H1, H2, H3, H4, H5**) można stwierdzić, że w polskiej populacji świń ras matecznych przy selekcji loszek w kierunku zmniejszenia otluszczenia tuszy, z wykorzystaniem markerów genetycznych, należy uwzględnić oba analizowane polimorfizmy w genach *LEPR* i *MC4R*. Do hodowli powinny być pozostawiane lochy o genotypie *LEPR<sup>AA</sup>/MC4R<sup>GG</sup>*, a także *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>GG</sup>*. Nie zaleca się natomiast wykorzystania analizowanych SNP genu *DGATI* do selekcji loszek tylko w kierunku zmniejszenia grubości słoniny, ponieważ może się to przyczynić do pozostawienia w hodowli zwierząt o mniejszym otluszczeniu, ale jednocześnie o genetycznie gorszej predyspozycji do odchowu większej liczby prosiąt w miocie. Ponadto należy zwrócić uwagę na zawartość laktozy w siarze loch, bowiem może być to czynnik informujący o pewnej predyspozycji lochy do dobrego odchowu prosiąt w ciągu kolejnych trzech laktacji.

**PODSUMOWANIE BADAŃ**

Wykonane badania w ramach cyklu publikacji wchodzących w skład rozprawy, których wyniki prezentowano powyżej, miały na celu:

1. zbadanie czy i w jakim stopniu polimorfizm genów związanych z jakością tuszy i mięsa świń: *LEPR*, *MC4R* i *DGATI*, może wpływać na kondycję młodych loszek, a następnie kondycję loch i wyniki odchowywanych przez nie prosiąt (w tym skład mleka) w czasie trzech kolejnych laktacji;
2. oszacowanie parametrów genetycznych (współczynników powtarzalności) dla zawartości podstawowych składników siary i mleka loch w kolejnych trzech laktacjach, które pozwolą określić możliwości zastosowania tych cech w genetycznym doskonaleniu świń.

Na podstawie przeprowadzonych badań sformułowano następujące stwierdzenia i wnioski:

1. Lochy rasy wbp w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych, w porównaniu do loch pbz, cechowały się większym przyrostem masy ciała i większą grubością słoniny grzbietowej (P2).
2. Na zmiany masy ciała loszek obu ras, a następnie na zmiany kondycji loch w kolejnych cyklach reprodukcyjnych istotny wpływ miał efekt interakcji pomiędzy genami *LEPR* i *MC4R*. Lochy heterozygotyczne o genotypie *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>AG</sup>* cechowały się największymi w tym okresie przyrostami masy ciała i grubości słoniny w punkcie P2. Efekt interakcji pomiędzy tymi polimorfizmami wpływał również istotnie na średnią masę prosiąt urodzonych w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych. Lochy o genotypie *LEPR<sup>AA</sup>/MC4R<sup>GG</sup>* i *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>GG</sup>* w kolejnych trzech miotach rodziły prosięta o wysokiej masie ciała. W związku z powyższym w polskiej populacji świń ras matecznych przy selekcji loszek z wykorzystaniem markerów genetycznych (MAS) należy uwzględniać oba markery. Do hodowli powinny być pozostawiane loszki o genotypie *LEPR<sup>AA</sup>/MC4R<sup>GG</sup>*, a także *LEPR<sup>AB</sup>/MC4R<sup>GG</sup>*.
3. Odmienny jest wpływ polimorfizmu genów *MC4R* i *LEPR* na odkładanie tłuszczu w tuszy u loch i inny na produkowanie bogatego w składniki odżywcze mleka. Lochy o genotypie *MC4R<sup>AA</sup>* cechujące się większym pobraniem paszy oraz lochy o genotypie *LEPR<sup>BB</sup>* cechujące się większą grubością słoniny grzbietowej produkowały siarę uboższą w tłuszcz, białko i suchą masę. Ponadto wykazany brak wpływu omawianych polimorfizmów na wyniki odchowu prosiąt sugeruje, że markery te mogą być wykorzystywane w selekcji świń ras matecznych w kierunku zmniejszania grubości słoniny grzbietowej, bez wpływu na pogorszenie się jakości produkowanego prze nie mleka, a poprzez to wyników odchowu prosiąt.
4. Na zmiany masy ciała loszek obu ras miał również wpływ efekt interakcji pomiędzy mutacjami w genie *DGATI* loch ras matecznych (*DGATI* (rs45434075) / *DGATI* 3'UTR (rs342152658)). Lochy *DGATI<sup>GG/GG</sup>* cechowały się najgrubszą słoniną grzbietową w dniu selekcji, a w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych odchowwały istotnie większą liczbę prosiąt w porównaniu do loch o genotypie *DGATI<sup>AA/AG</sup>*. Ponadto lochy *DGATI<sup>AA/AG</sup>*, które cechowały się najmniejszym otłuszczeniem w dniu oceny, w czasie trzech cykli reprodukcyjnych urodziły najmniej prosiąt. Lochy heterozygotyczne *AG/AG* w ciągu trzech cykli reprodukcyjnych odchowwały prosięta o istotnie najwyższej masie ciała, w porównaniu do samic o genotypach *AA/AG*, *AG/AG*.
5. Występująca u loch ras wbp i pbz mutacja A/G *DGATI* (rs45434075) nie wpływała na istotną zmianę jakości produkowanej przez nie siary i mleka wyrażoną zawartością suchej masy, a tym samym nie wpływała na wyniki odchowu prosiąt. Stwierdzono jedynie, że lochy rasy wbp o genotypie *DGATI<sup>GG</sup>* charakteryzowały się wyższą zawartością tłuszczu w siarze, natomiast lochy rasy pbz o tym genotypie cechowały się podwyższoną zawartością białka i obniżonym poziomem laktozy w mleku.
6. W trzech kolejnych laktacjach produkowana przez lochy siara cechowała się powtarzalną zawartością laktozy ( $r=0,18$ ), następnie suchej masy ( $r=0,17$ ) i białka ( $r=0,16$ ).
7. Zawartość laktozy w siarze w dwóch kolejnych laktacjach (drugiej i trzeciej) była parametrem o najwyższej wartości współczynnika powtarzalności ( $r=0,34$ ). Również w mleku loch w laktacji drugiej i trzeciej dla zawartości laktozy uzyskano najwyższy współczynnik powtarzalności ( $r=0,18$ ). W związku z powyższym można stwierdzić, że zawartość laktozy w siarze loch, może być wskaźnikiem informującym o predyspozycji samicy do produkcji siary i mleka o określonych parametrach w kolejnych trzech laktacjach.

## CYTOWANA LITERATURA:

- Alston-Mills, B., Iverson, S.J., Thompson, M.P., (2000). A comparison of the composition of milks from Meishan and crossbred pigs. *Livest. Prod. Sci.*, 63, 85-91.
- Aspilcueta-Borquis R.R., Di Palo R., Araujo Neto F.R., Baldi F., de Camargo G.M., de Albuquerque L.G., Zicarelli L., Tonhati H. (2010). Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. *Genet. Mol. Res.* 9(3):1636-44
- Babicz, M., (2008). Polimorfizm wybranych genów potencjalnie związanych z użytkowością rozplodową swni rasy puławskiej. *Rozprawy Naukowe - Wydawnictwo Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie; 1899-2374; z. 338, 77s.*
- Babicz, M., Cichocki, R., Kasprzak, K., Kropiwek, K., Szuba, K.,(2011). Analysis of relationship between sows colostrum and milk somatic cell count and reproductive performance traits. *Annales UMCS, Sectio EE, vol. XXIX, 3, 1-13.*
- Barb, C.R., Hausman, G.J., Czaja, K., (2005). Leptin: a metabolic signal affecting central regulation of reproduction in the pig. *Domest Anim Endocrinol* 29:186–192.
- Bergsma R., Kanis E., Verstegen M.W., Knol E.F. (2008). Genetic parameters and predicted selection results for maternal traits related to lactation efficiency in sows. *J. Anim. Sci.* 86(5):1067-80.
- Beyga K., Rekiel A. (2009). Wpływ kondycji i podania oksycytocyny na przebieg Porodu u loch i wyniki odchowu prosiąt. *Rocz. Nauk. Zoot.* 36(1): 45-53
- Bocian M., Jankowiak H., Grajewska S., Kapelanska J., Włodarski W. (2011). Influence of piglet birth weight on rearing fattening results. *Rocz. Nauk. Zoot.* 38(2):189-195.
- Canario L., Lundgren H., Haandlykken M., Rydhmer L. (2010). Genetics of growth in piglets and the association with homogeneity of body weight within litters. *J. Anim. Sci.* 88(4):1240-7.
- Decaluwé, R., Maes, D., Declerck, I., Cools, A., Wuyts, B., De Smet, S., Janssens, G.P.J., (2013). Changes in back fat thickness during late gestation predict colostrum yield in sows. *Animal* 7(12),1999-2007
- Distl O. (2007). Mechanisms of regulation of litter size in pigs on the genome level. *Reprod. Domest. Anim.* 42(2):10-6.
- Fan B., Onteru S.K., Plastow G.S., Rothschild M.F.( 2009). Detailed characterization of the porcine MC4R gene in relation to fatness and growth. *Animal Genetics* 40:401-409.
- Gilbert H., Bidanel J.P., Billon Y., Lagant H., Guillouet P., Sellier P., Noblet J., Hermes S (2012). Carrelated responses in sow appetite, residual feed intake, body composition, and reproduction after divergent selection for residual feed intake in the growing pig. *J. Anim. Sci.* 90(4):1097-108.
- Gondret F., Lefaucheur L., Louveau I., Lebret B., Pichodo X., Le Cozler Y. (2005). Influence of piglet birth weight on postnatal growth performance, tissue lipogenic capacity and muscle histological traits at market weight. *Livest. Prod. Sci.*, 93: 137–146.
- Gourdine, J.L., Bidanel, J.P., Noblet, J., Renaudeau, D., (2006). Effects of breed and season on performance of lactating sows in a tropical humid climate. *J. Anim. Sci.* 84, 360-369.
- Guay F, Palin MF., Matte JJ., Laforest JP., (2001). Effects of breed, parity, and folic acid supplement on the expression of leptin and its receptors' genes in embryonic and endometrial tissues from pigs at day 25 of gestation. *Biol. Reprod.* 65(3):921-927.
- Hausman, G.J., Barb, C.R., (2010). Adipose tissue and the reproductive axis: biological aspects. *Endocr Dev* 19, 31–44.
- Hausman, G.J., Dodson, M.V., Ajuwon, K., Hausman, G.J., Dodson, M.V., Ajuwon, K., Azain, M., Barnes, K.M., Guan, L.L., Jiang, Z., Poulos, S.P., Sainz, R.D., Smith, S., Spurlock, M., Novakofski, J., Fernyhough, M.E., Bergen, W.G., (2009). Board sponsored invited review: the biology and regulation of preadipocytes and adipocytes in meat animals. *J. Anim. Sci.* 87, 1218–1246.
- Hirose K., Ito T., Fukawa K., Arakawa A., Mikawa S., Hayashi Y., Tanaka K. (2014). Evaluation of effects of multiple candidate genes (LEP, LEPR, MC4R, PIK3C3, and VRTN) on production traits in Duroc pigs. *Anim Sci J.* 83(3):196-206
- Kim K.S., Lee J.J., Shin H.Y., Choi B.H., Lee C.K., Kim J.J., Cho B.W., Kim T.H. (2006). Association of melanocortin 4 receptor (MC4R) and high mobility group AT-hook 1 (HMGA1) polymorphisms with pig growth and fat deposition traits. *Animal Genetic*, 37:419-421.
- Lv, Y., Guan, W., Qiao, H., Wang, C., Chen, F., Zhang, Y., Liao, Z., (2015). Veterinarymedicine and omics (veterinomics): Metabolic transition of milk triacylglycerol synthesis in sows from late pregnancy to lactation. *OMICS* 19(10), 602-616.
- Matysiak, B., Kawęcka, M., Kołodziej, A., Sosnowska, A., (2007). Relationships between body weight of primiparous sows in pregnancy and their reproductive performance. *Acta Sci. pol., Zootechnica* 6(3), 25-32
- Monaco, M.H., Grounlund, D.E., Bleck, G.T., Hurley, W.L., Wheeler, M.B., Donovan, S.M., (2005). Mammary specific transgenic overexpression of insulin-like growth factor-I (IGF-I) increases pig milk IGF-I and IGF binding proteins, with no effect on milk composition or yield. *Transgenic Res.* 14(5),761–773.

- Nonneman, D., Rohrer, G.A., (2002). Linkage mapping of porcine *DGAT1* to a region of chromosome 4 that contains QTL for growth and fatness. *Anim. Genet.* 33(6), 472-473
- Óvilo, C., Fernández A., Rodriguez, C., Nieto M., Silió, L. (2006). Association of MC4R gene variants with growth, fatness, carcass composition and meat and fat quality traits in heavy pigs. *Meat Science*, 73:42-47
- Óvilo, C., Oliver, A., Noguera, J.L., Clop, A., Barragán, C., Varona, L., Rodriguez, C., Toro, M., Sánchez, A., Pérez-Enciso, M., Silió, L., (2002). Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. *Genet. Sel. Evol.* 34, 4, 465-79.
- Piórkowska, K., Tyra, M., Rogoz, M., Ropka-Molik, K., Oczkiewicz, M., Różycki, M., (2010). Association of the melanocortin-4 receptor (MC4R) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Sci.* 85, 2, 297-301.
- Rehfeldt C., Kuhn G. (2006). Consequences of birth weight for postnatal growth performance and carcass quality in pigs as related to myogenesis. *J. Anim. Sci.*, 84 (E. Suppl.): 113-123.
- Rekiel, A., Więcek, J., Beyga, K., (2011). Analysis of the relationship between fatness of late pregnant and lactating sows and selected lipid parameters of blood, colostrum and milk. *Ann. Anim. Sci.* 11(4), 487-495
- Renaville, B., Bacciu, N., Lanzoni, M., Corazzin, M., Piasentier, E., (2015). Polymorphism of fat metabolism genes as candidate markers for meat quality and production traits in heavy pigs. *Meat Sci.* 17(110), 220-223
- Serenius T., Stalder K.J. (2004). Genetics of length of productive life and lifetime prolificacy in the Finnish Landrace and Large White pig populations. *J. Anim. Sci.* 82(11):3111-7.
- Skrzypczak, E., Babicz, M., Szulc, K., Walendowska, A., Panek, A., (2012). Impact of sow milk protein polymorphism on piglet rearing. *Ann. Anim. Sci.* 12, 3, 335-347.
- Smith AL, Stalder KJ, Serenius TV, et al. (2007). Effect of piglet birth weight on weights at weaning and 42 days post weaning. *J Swine Health Prod.* 15(4):213-218.
- Stratil A., Kopečný M., Moser G., Schroffel J., Cepica S. (1998). HpaII and RsaI PCRFLPs within an intron of the porcine leptin receptor gene (LEPR) and its linkage mapping. *Animal Genetics* 29, 398-413.
- Su G., Lund M.S., Sorensen D. (2007). Selection for litter size at day five to improve litter size at weaning and piglet survival rate. *J. Anim. Sci.* 85(6): 1385-92.
- Szyndler-Nędza, M., Różycki, M., Eckert, R., Mucha, A., Koska M., Szulc T., (2013). Relationships between chemical composition of colostrum and milk and rearing performance of piglets during a 21 day lactation. *Annals of Animal Science* 4: 771-781.
- Tyra M., Ropka-Molik K., Eckert R., Piórkowska K., Oczkiewicz M. (2011). H-FAB and LEPR gene expression profile in skeletal muscles and liver during ontogenesis in various breeds of pigs. *Domestic Animal Endocrinology* 40: 147-154
- Van den Maagdenberg, K., Stinckens, A., Claeys, E., Seynaeve, M., Clinquart, A., Georges, M., Buys, N., De Smet, S., (2007). 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* 1,8, 1089-1098.
- Van Tassell C.P., Wiggans G.R., Norman H.D. (1999). Method R estimates of herability for milk, fat, and protein yields of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 82(10):2231-7.
- Weisz, F., Urban, T., Chalupowa, P., Knoll, A., (2011). Association analysis of seven candidate genes with performance traits in Czech Large White pigs. *Czech J. Anim. Sci.* 56(8), 337-344.
- Wientjes, J.G.M., Soede, N.M., Knol, E.F., van den Brand, H., Kemp, B., (2013). Piglet birth weight and litter uniformity: Effects of weaning-to-pregnancy interval and body condition changes in sows of different parities and crossbred lines. *J. Anim. Sci.* 91, 2099-2107.
- Young M.G., Tokach M.D., Aherne F.X., Main R.G., Dritz S.S., Goodband R.D., Nelssen J.L. (2004). Comparison of three methods of feeding sows in gestation and the subsequent effects on lactation performance. *J. Anim. Sci.*, 82: 3058-3070.
- Zhang, C.Y., Wang, Z., Bruce, H.L., Janz, J., Goddard, E., Moore, S., Plastow, G.S., (2014). Associations between single nucleotide polymorphisms in 33 candidate genes and meat quality traits in commercial pigs. *Anim. Genet.* 45, 508-516.
- Zuo Zuo, Y., (2008). Studies on SNPs of *DGAT1* gene and its association with partial economic traits in pigs. Dissertation, Hunan Agricultural University. <http://www.dissertationtopic.net/doc/497147>

## 5. OMÓWIENIE POZOSTAŁYCH OSIĄGNIĘĆ NAUKOWO-BADAWCZYCH

Pracę w Instytucie Zootechniki rozpocząłam od grudnia 1995 roku jako specjalista, a od września 1997 jako asystent w Zakładzie Hodowli Trzody Chlewnej, w zespole prof. dr hab. Mariana Różyckiego. Praca na stanowisku asystenta, a później adiunkta (od roku 2004) spowodowała, że moje zainteresowania naukowo-badawcze skupiły się na następujących kierunkach:

- a) ocenie krajowej populacji aktywnej świń w zakresie cech tucznych i rzeźnych, a zwłaszcza ocenie przyżyciowej knurów i loszek hodowlanych,
- b) doskonaleniu metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej świń,
- c) poszukiwaniu markerów genetycznych warunkujących cechy użytkowe świń,
- d) realizacji zadań związanych ochroną *in situ* i *ex situ* świń.

Zagadnienia badawcze związane z oceną krajowej populacji w zakresie cech tucznych i rzeźnych oraz doskonaleniem metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej świń były głównym kierunkiem badawczym od samego początku mojej działalności naukowej. Działalność w tym zakresie skupiła się początkowo na udziale w tematach badawczych dotyczących poszukiwaniu czynników mających wpływ na kształtowanie się zawartości i jakości mięsa w tuszy świń, których wynikiem były oryginalne publikacje naukowe oraz doniesienia na konferencje krajowe i międzynarodowe (wykaz osiągnięć **A1, A2, A3, A4, A5, E1, E2, F1, F2, F3, F4, F6**). Działalność moja koncentrowała się również na analizie stanu hodowli aktualnej populacji aktywnej świń i trendów zmian pod względem parametrów uwzględnianych w ocenie przyżyciowej. Efektem tych prac były i są do chwili obecnej publikacje rozdziału w wydawnictwie ciągłym Instytutu Zootechniki (wykaz osiągnięć **D1, D2, D3, D4, D5, D6, D7, D8, D9, D11, D13, D15, D17, D18, D20, D22, D24, D26, D28**) oraz artykuły naukowe i popularnonaukowe (wykaz osiągnięć **B12, B26, C8, G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9, G14, G15, G21, G21, G22, G23, G25, G27, G28, G29**).

Badaniami, które prowadziłam z zakresu doskonalenia metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej świń były prace wykonywane w ramach grantu promotorskiego pt. „Opracowanie równań regresji do przyżyciowego szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszy”, który uzyskałam w 2001 roku. Efektem realizacji tego projektu była rozprawa doktorska pod tym samym tytułem, którą przygotowałam pod kierunkiem prof. dr hab. Mariana Różyckiego i obroniłam 04.02.2004r. Wynikiem tych badań były publikacje oryginalne (wykaz osiągnięć **B3, B4, B8**), a także doniesienia na konferencje krajowe i międzynarodowe (wykaz osiągnięć **E3, F5**). Opracowane w ramach pracy doktorskiej równanie regresji do szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszy młodych świń, zostało wdrożone do oceny przyżyciowej świń 1. października 2004r, przez zespół zajmujący się modyfikacją oceny tej oceny, w którego pracach aktywnie uczestniczyłam (**B2, B6, B9**). Wprowadzona modyfikacja metodyki oceny przyżyciowej świń pozwoliła na dokładniejszą ocenę wartości użytkowej i hodowlanej młodych knurów i loszek, co zostało przedstawione w cyklu artykułów popularno naukowych (wykaz osiągnięć **G10, G11, G12, G13**). Ponadto w oparciu o dane,

uzyskane przy realizacji projektu promotorskiego, przeprowadziłam również szereg dodatkowych analiz, pozwalających na określenie wpływu płci i masy ciała na jakość tuszy świń, a także zależności pomiędzy pomiarami przyżyciowymi, poubojowymi i jakością tuszy oraz jej elementów. Wyrazem tych prac były publikacje oryginalne (wykaz osiągnięć **B1, B5, B7, B13, B14**) i doniesienia na konferencje międzynarodowe i krajowe (**E6, F7**). Wprowadzenie w 2004 r. nowej metodyki oceny przyżyciowej wymagało, by szczegółowo przeanalizować parametry genetyczne (współczynniki odziedziczalności, korelacje fenotypowe, genetyczne) dla cech uwzględnionych w indeksie selekcyjnym. Podjęłam się realizacji tego tematu w ramach działalności statutowej IZ (zadanie nr **1226.1**). Celem tych badań było określenie parametrów genetycznych dla cech tucznych i rzeźnych uwzględnianych w nowej metodyce oceny przyżyciowej. Oszacowane parametry zostały uwzględnione przy określaniu wartości hodowlanej metodą BLUP – model zwierzęcia (wykaz osiągnięć **B15, B17, F9**). Równocześnie brałam udział w projekcie badawczym nr 3 PO6Z 054 23 pt. „Opracowanie metody szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszy metodą ultrasonograficzną w oparciu o pomiary przyżyciowe i poubojowe”. Celem projektu było określenie przydatności ultrasonograficznej techniki pomiarowej (USG) do oceny otłuszczenia i umięśnienia świń. Dotyczyło to zarówno możliwości zastosowania tego typu urządzeń w ocenie przyżyciowej, jak i poubojowej (wykaz osiągnięć **B19, B20, B21**).

Dalsze prace związane z doskonaleniem metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej, kontynuowałam w uzyskanym w roku 2011 własnym projekcie badawczym nr N N311 082240 pt. „Predykcja wartości użytkowej świń w oparciu o pomiary przyżyciowe przy wykorzystaniu sztucznych sieci neuronowych”. Celem tego projektu była ocena możliwości zwiększenia dokładności oceny przyżyciowej świń poprzez wykorzystanie zaawansowanych technik obliczeniowych, w postaci sztucznych sieci neuronowych (SSN). Wyniki tych badań pozwoliły na określenie przydatności do szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszy młodych świń zaawansowanych modeli obliczeniowych w porównaniu z tradycyjnymi modelami matematycznymi (równania regresji) (wykaz osiągnięć **B24, B34, B35, E9, E12, E15, F20**).

Przedstawiony powyżej kierunek prac badawczych zmierzał głównie do poprawy oceny jakości tuszy (otłuszczenia, umięśnienia) młodych zwierząt, poprzez zwiększenie dokładności metody oceny tych cech. Jednak dzięki dynamicznemu rozwojowi metod genetyki molekularnej możliwe stało się poznanie funkcji wielu genów odpowiedzialnych za kształtowanie cech fenotypowych i jednocześnie wykrywanie zmian frekwencji tych genów. Dlatego też swoje zainteresowania zwróciłam w tym kierunku, czyli poszukiwaniu markerów genetycznych warunkujących cechy użytkowe świń (otłuszczenie tuszy). Przy współpracy z Instytutem Genetyki i Hodowli Zwierząt Polskiej Akademii Nauk w Jastrzębcu podjęłam prace mające na celu ocenę wpływu wybranych polimorfizmów genów (*MC4R*, *LEP*, *LEPR*) na jakość tuszy świń rodzimej rasy puławskiej (wykaz osiągnięć **B16, E7, E8, F8**). Jako wykonawca uczestniczyłam również w projekcie rozwojowym nr N R12 0059 10 pt. „Wprowadzenie nowych wskaźników jakości i tekstury mięsa do oceny wartości

użytkowej i hodowlanej trzody chlewnej”, którego celem była ocena jakości mięsa (tekstury mięsa) i możliwości uwzględnienia cech jakościowych w procesie doskonalenia zwierząt hodowlanych. W ramach tego projektu wykonano również analizy wpływu wybranych polimorfizmów genów na teksturę mięsa (wykaz osiągnięć **B31, B40**).

W ramach zadań realizowanych w obrębie działalności statutowej IZ PIB uczestniczyłam także w badaniach mających na celu doskonalenie użytkowości rozplodowej zarodowej populacji świń w kraju, poprzez poszukiwanie źródeł zmienności dla wskaźników rozplodowych i możliwości wykorzystania ich w praktyce hodowlanej (wykaz osiągnięć **B23, F18, F21, F23, F26, F32**). Czynniki wpływającymi na wyniki ekonomiczne ferm produkcyjnych, poza liczbą urodzonych i odchowanych prosiąt przez lochy, są również wyniki odchowu prosiąt (ich masa ciała i przyrosty w czasie odchowu przy matce). Na parametry te w pierwszych tygodniach życia prosiąt ma wpływ między innymi skład siary i mleka loch. Prace badawcze z tego zakresu wykonywane w różnych jednostkach naukowych wskazywały, że na skład mleka loch ma wpływ przede wszystkim żywienie, rasa, kolejna laktacja oraz czynniki zewnętrzne jak temperatura i wilgotność. W nielicznych pracach wykazano, że skład mleka również zależy od indywidualnego genotypu matki. Aspekt ten, w kontekście prowadzonych wcześniej prac nad doskonaleniem jakości tuszy z wykorzystaniem markerów genetycznych, stał się przedmiotem moich zainteresowań. Realizując swoje badawcze zainteresowania podjęłam się, w ramach działalności statutowej IZ PIB wykonania prac, mających na celu identyfikację zależności między wybranymi genotypami w locus genów *MC4R*, *LEPR*, *LEP* i *DGATI*, potencjalnie możliwymi do wykorzystania w selekcji świń (w kierunku zmniejszenia otluszczenia), a cechami użytkowości rozplodowej loch, w tym składem chemicznym mleka. Cel ten zrealizowany został w dwóch zadaniach badawczych w ramach działalności statutowej IZ PIB (nr 1133.1 i 01-4.07.1), którymi kierowałam, a część opracowanych wyników prowadzonych prac zostało ujęte w jednotematyczny cykl publikacji naukowych, który stanowi mój dorobek habilitacyjny (punkt 4: **H1, H2, H3, H4, H5**). Pozostałe wyniki badań zostały zaprezentowane w publikacjach oryginalnych i doniesieniach na konferencje międzynarodowe i krajowe (**B28, B29, E11, E13, E16, F14, F16, F22, F27, F35**). Wyniki tych badań wskazują, że wybrane markery genetyczne związane z otluszczeniem tuszy młodych świń pomimo, że mają wpływ na zmiany kondycji loch w czasie ich użytkowania rozplodowego oraz na niektóre składniki przede wszystkim siary, nie mają znaczącego wpływu na przyrosty i masę ciała odchowanych prosiąt. Na tej podstawie można wnioskować, że na przyrosty prosiąt w czasie laktacji wpływają inne czynniki, które stymulują je do pobierania odpowiedniej dawki pokarmu. Interesujące wyniki dotyczące zawartości laktozy w mleku (**B28, H5**) skłoniły mnie do kontynuacji badań w tym zakresie. W związku z powyższym od roku 2017, w ramach działalności statutowej IZ PIB, kieruję zadaniem badawczym nr 01-017.1 pt "Poszukiwania markerów genetycznych i fenotypowych mających wpływ na poprawę wartości hodowlanej i użytkowej świń", którego jednym z celów jest poszukiwanie markerów genetycznych laktogenezy loch oraz możliwości ich wykorzystania w doskonaleniu cech rozplodowych.

Ukończenie w roku 2009 sekwencjonowania genomu świni, otworzyło możliwości wykorzystania genomiki w pracach hodowlanych świń. W genomie świni zidentyfikowano ponad 64000 SNP, co stanowi wysokie jego pokrycie i daje wysoką dokładność i powtarzalność genotypowania (>99%). Genomika wykorzystuje informacje zawarte w DNA, które wraz z danymi dotyczącymi cech użytkowych rasy służą do dokładniejszego przewidywania wartości hodowlanej niż w przypadku stosowania tradycyjnej metody BLUP. Głównymi zaletami korzystania z informacji zawartych w DNA jest większy ogólny postęp genetyczny szczególnie dla cech nisko odziedziczalnych, takich jak przeżywalność prosiąt, czy długowieczność loch oraz znaczna poprawa mięsności, a także lepsza kontrola chowu wsobnego. Kontynuując prace związane z doskonaleniem metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej oraz podążając za otwierającymi się możliwościami genomowego szacowania wartości hodowlanej świń, podjęłam się wykonania zadania w ramach Programu Wieloletniego na lata 2016-2020 nr 17-2.20.9 pt "Opracowanie podstaw funkcjonowania selekcji genomowej świń". Celem zadania jest utworzenie bazy referencyjnej i walidacyjnej, zawierającej informacje genomowe i użytkowe świń. Stanowić ona będzie podstawę do opracowania i wprowadzenia genomowej oceny wartości hodowlanej świń w kraju.

Równoległe z wyżej prezentowanymi kierunkami badawczymi, od roku 2005, kiedy zostałam powołana na członka grupy roboczej ds. ochrony zasobów genetycznych świń ras rodzimych, aktywnie uczestniczyłam w pracach związanych z koordynacją i realizacją programów ochrony zasobów genetycznych świń metodami *in situ* (Program Wieloletni na lata 2011-2015 i 2016-2020 - odpowiednio zadania nr 08-1.3.1 i 17-1.10.9) i *ex situ* (Program Wieloletni na lata 2011-2015 i 2016-2020 - odpowiednio zadania nr 08-1.4.1 i 17-1.30.9). Efektem prac związanych z ochroną świń metodą *in situ* było opracowanie struktury i zasad funkcjonowania bazy danych IZ PIB, zawierającej wyniki oceny użytkowości rozplodowej i przyżyciowej świń ras objętych programem ochrony (puławskiej i złotnickich). Pozwoliło mi to na przygotowywanie szczegółowych opracowań wyników z użytkowości świń ras rodzimych (wykaz osiągnięć **D10, D12, D14, D16, D17, D19, D21, D23, D25, D27, D29**), które są wykorzystywane do oceny efektywności działania programów ochrony tych ras. Utworzona baza stanowi podstawę do przygotowania opracowań naukowych mających na celu charakterystykę populacji, jak również ocenę wykorzystania świń ras objętych programem ochrony w krzyżowaniu towarowym (wykaz osiągnięć **B10, B11, B25, C1, C5, C6, E4, E5, E14, F10, F17, G18, G19, G24, G26**). Opracowałam również założenia do pakietu rolnośrodowiskowego w ramach PROW na lata 2007-2013 (wykaz osiągnięć **C2, C3, C4, G16, G17**) oraz rolnośrodowiskowo - klimatycznego na lata 2014-2020 dotyczącego finansowego wsparcia ochrony lokalnych ras świń.

Jednym z głównych założeń programów ochrony jest zachowanie w populacji maksymalnej bioróżnorodności genotypów. W małych populacjach, jakimi są świnię ras rodzimych, uzyskanie tego efektu może nastąpić poprzez odpowiedni dobór do kojarzeń (z zachowaniem minimalizacji współczynnika inbredu). Pomocne jest również ciągłe monitorowanie stopnia spokrewnienia i

zimbredowania zwierząt ras objętych programami ochrony. Monitorowanie stopnia zimbredowania jest też konieczne w populacjach świń wysokoprodukcyjnych, w których szeroko wykorzystywane są nowoczesne metody doskonalenia oparte na analizie danych osobników spokrewnionych (BLUP). W tym celu podjęłam się realizacji zadania badawczego nr 01-1.04.1 pt "Ocena poziomu homozygotyczności w krajowej populacji świń ras rodzimych oraz ras wysoko produkcyjnych", którego efektem były publikacje i komunikaty naukowe (wykaz osiągnięć **B27, B32, B37, F12, F15, F28**) oraz utworzenie aplikacji internetowej do szacowania hipotetycznego inbrodu potomstwa świń ras puławskiej, złotnickiej białej i złotnickiej pstrej (<http://swinienowa.bioroznorodnosc.izoo.krakow.pl/evaluation/pulawska/inbred>). Aplikacja ta, korzystając z danych rodowodowych świń zgromadzonych w bazie IZ PIB, umożliwia hodowcom sprawdzenie (oszacowanie) poziomu współczynnika inbrodu potomstwa przed planowanym kojarzeniem świń, co w populacjach świń ras rodzimych może przyczynić się do utrzymania wartości inbrodu na niskim poziomie i zachowania bioróżnorodności tych populacji. Ponadto utworzone w ramach tego projektu oprogramowanie daje możliwość corocznego szczegółowego monitoringu zmian wartości współczynnika inbrodu w tych populacjach świń, który od roku 2012 prezentowany jest szczegółowo w publikowanych wynikach użytkowości świń tych ras (**D21, D23, D25, D27, D29**).

Efektem prac związanych z ochroną świń metodą *ex situ* było opracowanie dla trzech gatunków zwierząt (bydło, owce i świnie) kryteriów wyboru osobników męskich i żeńskich ras chronionych oraz ras wysokoprodukcyjnych, od których pozyskany będzie materiał biologiczny (**E10**). Opracowałam również program ochrony zasobów genetycznych świń metodą *ex situ* oraz przygotowałam wzory koniecznych dokumentów wymaganych przy jego realizacji. W przypadku świń ras chronionych kryteria te wraz z opracowanym programem są obecnie wykorzystane do realizacji zadań w ramach Programu Wieloletniego 2016-2020 nr 17-1.30.9 pt "Gromadzenie, przechowywanie i uzupełnianie podstawowych kolekcji materiału biologicznego wybranych gatunków zwierząt gospodarskich w ramach działalności Krajowego Banku Materiałów Biologicznych", a także zadania nr 09-713.5 w projekcie BIOSTRATEG o numerze 297267 finansowanym przez NCBiR, w których jestem wykonawcą (**B41**).

Kontynuując prace związane z kontrolą poziomu zimbredowania w populacjach ras chronionych podjęłam się przeprowadzenia kolejnych badań mających na celu poznanie zmian struktury genetycznej (polimorfizmu wybranych genów) w rasach rodzimych świń związanej ze wzrastającym zimbredowaniem w populacji (zadanie nr 01-009.1). W badaniach uwzględniono geny związane z cechami produkcyjnymi oraz zdrowotnymi charakterystycznymi dla tych ras (geny związane z rozrodem, jakością tuszy i mięsa oraz aktywnością immunologiczną (wykaz osiągnięć **C7, E17, F24, F30, F31**). W efekcie przeprowadzonych badań opracowano zestawy wybranych markerów charakteryzujących aktualne populacje świń objętych programem ochrony, które upowszechniono w formie broszury (broszury upowszechnieniowe nr 5, 6 i 7/2017 - załącznik V, pkt. 6.). Zestawy te

posłużą jako panel porównawczy do kontroli zmienności genetycznej tych ras w kolejnych latach realizacji programów ochrony.

Podczas realizacji prac związanych z koordynacją i realizacją programu ochrony zasobów genetycznych świń aktywnie współpracowałam z pracownikami Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie i Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Prace te dotyczyły historii i perspektyw oraz rentowności hodowli świń ras rodzimych (**B18, B30, B33, B38, G30**), także w systemie utrzymania ekologicznego (**F11, F19**). Przeprowadzono również badania mające na celu potwierdzenie wybitnej troskliwości macierzyńskiej charakterystycznej dla ras rodzimych. Zidentyfikowano, pomiędzy lochami rasy puławskiej i pbz, różnice w zachowaniach macierzyńskich i wynikach reprodukcyjnych w warunkach działania czynników stresowych (**B36, F25**), a także wpływ polimorfizmu w locus genu *PRL* loch puławskich na ich troskliwość macierzyńską (**B39**). Przeanalizowano również wpływ efektu płci, wagi ubojowej i przyrostów dziennych na jakość tuszy tuczników rasy PEN-AR-LAN (**B22**).

Kontynuacją prac nad charakterystyką ras rodzimych świń, jest udział w dwóch zadaniach projektu BIOSTRATEG nr 297267 pt. "Ochrona bioróżnorodności i wykorzystanie potencjału zasobów genetycznych zwierząt gospodarskich w warunkach zrównoważonego rolnictwa", którego głównym celem jest zwiększenie oddziaływania nauk zootechnicznych, biotechnologicznych i ekonomicznych na otoczenie społeczno-gospodarcze i przyrodnicze poprzez umożliwienie korzystania z najnowszych technologii i rozwiązań z zakresu ochrony zasobów genetycznych zwierząt w celu optymalnego wykorzystania ich potencjału produkcyjnego (**F33, F34**).

Celem powyższego opracowania była charakterystyka głównych kierunków badawczych i uzyskanych w tym zakresie osiągnięć, w których uczestniczyłam jako wykonawca i które sama podejmowałam w trakcie swojej kariery naukowej. Uzupełnieniem tego opisu jest wykaz osiągnięć naukowo badawczych (publikacyjnych) z wykazem projektów, w których uczestniczyłam i aktualnie uczestniczę, załączony jako oddzielny dokument (załącznik nr IV) i wykaz pozostałych osiągnięć (pozapublikacyjnych) zamieszczony w załącznik (nr V).

## LICZBOWE ZESTAWIENIE DOROBKU NAUKOWEGO\*)

	PRZED DOKTORATEM			PO DOKTORACIE			ŁĄCZNIE		
	LICZBA	PKT (MNiSW)	IF	LICZBA	PKT (MNiSW)	IF	LICZBA	PKT (MNiSW)	IF
1). Oryginalne prace twórcze:	5	20	-	46	474	16,003	51	494	16,003
- wykorzystane w monotematycznym cyklu publikacji									
a) publikacje w czasopismach znajdujących się bazie <i>Journal Citation Reports (JCR)</i>				4	100	4,108	4	100	4,108
b) publikacje w innych czasopismach recenzowanych				1	-	-	1	-	-
- publikacje poza monotematycznym cyklem									
a) publikacje w czasopismach znajdujących się bazie <i>Journal Citation Reports (JCR)</i>				14	246	11,895	14	246	11,895
b) publikacje w innych czasopismach recenzowanych	5	20	-	27	128	-	32	148	-
2). Rozdziały w monografiach:				8			8		
3). Pozostałe publikacje naukowe:	13			70			83		
- prace konferencyjne									
a) opublikowane w materiałach z konferencji międzynarodowych	2			15			17		
b) opublikowane w materiałach z konferencji krajowych	4			31			35		
- artykuły popularnonaukowe	7			24			31		
4). Monografie informujące o wartości użytkowej i hodowlanej	7			23			30		
<b>RAZEM</b>	25	20		147	474	16,003	172	494	16,003

\*) W punktacji uwzględniono 3 prace, które miały formę rozpraw naukowych, były recenzowane, ale ukazały się w suplementach wydawnictw naukowych. po usunięciu ich z punktacji łącznej liczba punktów MNiSW wyniosłaby 474.

**PODSUMOWANIE**

Mój dorobek publikacyjny obejmuje łącznie **172** pozycji. Wśród wymienionych **51** to oryginalne prace twórcze, z których **5** stanowi jednotematyczny cykl publikacji (zgodnie z art.16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 r. o stopniach i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz.U. Nr 65, poz. 595 ze zm. Dz. U. z 2005 r. nr 164, poz. 1365 oraz Dz. U. z 2011 r. nr 84, poz. 455). Znaczna część oryginalnych prac twórczych, których byłam autorem bądź współautorem, ukazała się w czasopismach z listy JCR (**18**). Wyniki uzyskane w ramach prowadzonych badań były prezentowane na wielu konferencjach naukowych (**52** doniesienia), w tym na konferencjach międzynarodowych (**17**) i krajowych (**35**). Posłużyły również do opracowania **8** rozdziałów w monografiach, **30** publikacji dotyczących wartości użytkowej i hodowlanej świń i **31** artykułów popularnonaukowych.

Wartość punktowa wszystkich publikacji (wg listy czasopism punktowanych MNiSW, zgodnie z rokiem publikacji), wynosi **494** pkt., w tym po uzyskaniu stopnia doktora **474** pkt. Sumaryczny **Impact Factor** publikacji naukowych według listy JCR (zgodnie z rokiem opublikowania) wynosi **16,003**.

Dotychczasowa problematyka moich badań obejmowała następujące grupy zagadnień:

- a) ocena krajowej populacji aktywnej świń w zakresie cech tucznych i rzeźnych,
- b) doskonalenie metod oceny wartości użytkowej i hodowlanej świń,
- c) poszukiwanie markerów genetycznych warunkujących cechy użytkowe świń,
- d) ochrona *in situ* i *ex situ* świń ras rodzimych.

*Magdalena Szindler-Nędza*