

Streszczenie

Cechy reprodukcyjne zwykle odznaczają się niską odziedziczalnością, a selekcja oparta na fenotypie jest często nieskuteczna i powolna. W celu poprawy cech płodności, takich jak wskaźnik owulacji i wielkość miotu owiec, skuteczniejsza wydaje się selekcja zwierząt hodowlanych oparta na ich genotypie. Wykazano, że różne mutacje genów *BMPR-1B*, *BMP-15* i *GDF-9* należą do nadrodziny transformujących czynników wzrostu (TGF- β) wpływają na liczbę owulujących pcherzyków i wielkość miotu owiec. Mutacje występujące w tych genach mają różne efekty i wzorce dziedziczenia. Wszystkie mutacje zwiększają liczbę owulujących pcherzyków jajnikowych u osobników heterozygotycznych, lecz niektóre mutacje powodują bezpłodność u osobników homozygotycznych, których jajniki nie rozwijają się prawidłowo. Wzrost wielkości miotu ma kluczowe znaczenie dla rentowności produkcji owczarskiej, ale koncentrowanie się na zwiększaniu liczby urodzonych jagniąt jest tylko jednym z wielu czynników wpływającym na opłacalność hodowli owiec.

Badania przeprowadzone w niniejszej pracy obejmowały identyfikację polimorfizmu w czterech genach należących do nadrodziny transformujących czynników wzrostu (TGF- β): *BMPR-1B*, *BMP-15*, *GDF-9* i *AMH* oraz tkankowej analizie ekspresji genów *BMP-15*, *GDF-9*, *AMH*. Do badań wykorzystano materiał pochodzący od 195 owiec ras Romanowska (n=71), Wrzosówka (n=59), Cakiel podhalański (n=65). Polimorfizm kodujących części genów *BMP-15*, *GDF-9* oraz *AMH* określono w oparciu o analizę sekwencji DNA, natomiast mutacji w genie *BMPRI-B* przy wykorzystaniu metody PCR-RFLP. Analizę ekspresji genów przeprowadzono z zastosowaniem techniki Real-Time PCR.

Analiza statystyczna wykazała istotny związek ($p < 0,05$) pomiędzy zidentyfikowaną delecją leucyny w *locus BMP-15* (c.28_30delCTT), a zwiększoną płodnością owiec będących heterozygotami. Statystycznie istotne różnice w poziomie płodności zidentyfikowano również pomiędzy osobnikami z mutacją w genie *GDF-9* – (c.978A>G, G6 - c.994G>A) a nosicielami mutacji w dwóch genach *BMP-15* i *GDF-9* jednocześnie. Badania przeprowadzone przy pomocy techniki Real-Time PCR wykazały statystycznie istotną różnicę w poziomie ekspresji genu *AMH* pomiędzy grupami osobników różniącymi się wiekiem, natomiast analiza tkankowej specyficznej ekspresji genów wykazała ekspresję genów *BMP-15*, *AMH* tylko w tkance jajnikowej zawierającej pcherzyk jajnikowy oraz genu *GDF-9* we wszystkich badanych tkankach.