

Związek informacji genomowej z cechami użytkowymi mięsożernych zwierząt futerkowych

Brygida Ślaska, Grzegorz Zięba, Grażyna Jeżewska-Witkowska, Sylwia Nisztuk-Pacek, Damian Zieliński, Magdalena Surdyka, Beata Horecka

*Uniwersytet Przyrodniczy, Katedra Biologicznych Podstaw Produkcji Zwierzęcej,
ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin; brygida.slaska@up.lublin.pl*

Do rodziny psowatych, której przedstawicielem jest pies domowy (*Canis lupus familiaris*), należą 44 gatunki (www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/). Trzy inne gatunki, których genomy są stosunkowo intensywnie badane, to: lis pospolity (*Vulpes vulpes*), lis polarny (*Vulpes lagopus*) i jenot (*Nyctereutes procyonoides*). Ważnym gospodarczo gatunkiem jest również norka (*Neovison vison*), należąca do rodziny łasicowatych. Zwierzęta futerkowe występują zarówno w warunkach naturalnych, jak i w fermach hodowlanych. Głównym celem hodowli tych gatunków zwierząt jest produkcja skór. Według EFBA (European Fur Breeders' Association), w 2010 r. w państwach członkowskich UE na 7200 fermach wyprodukowano 2,8 mln skór zwierząt, należących do rodziny psowatych, co stanowi 56% ogólnej produkcji światowej oraz 31,3 mln skór norek, co stanowi 60% produkcji światowej (<http://www.efba-eu.com/>).

Fenotypowa zmienność, obserwowana wśród hodowlanych zwierząt futerkowych, jest wyraźna, jednak jej genetyczne uwarunkowania są dalekie od pełnego wyjaśnienia. Podstawą międzyosobniczej i międzygrupowej zmienności są molekularne różnice w genetycznej informacji poszczególnych osobników. Zmiany sekwencji DNA w regionach kodujących lub regulatorowych genów mogą zmieniać strukturę białek, wpływając na wiele szlaków biochemicznych. Rozwój genetyki molekularnej pozwolił na identyfikację regionów chromosomowych, zawierających *loci* genów, których zmutowane allele odpowiadają za zmienność cech interesujących z hodowlanego punktu widzenia. Cecha może

być determinowana przez pojedynczy gen, jak również może być warunkowana wielogenowo i identyfikowana z wykorzystaniem pewnych rejonów genomu, wpływających na cechy ilościowe (*quantitative trait loci*, QTL). W przypadku, gdy cecha warunkowana jest poligenicznie, wśród genów może wystąpić pojedynczy gen o dużym efekcie fenotypowym, określany genem głównym (*major gene*). Istnieją dwie główne strategie genomiki strukturalnej, stosowane do poszukiwania *loci* cech ilościowych, wykorzystujące geny kandydujące i skanowanie genomu, oparte na analizie sprzężeń anonimowych markerów DNA.

Kluczową rolę w identyfikacji regionów chromosomowych, zawierających QTL odgrywają wysyczone markerami mapy genomu. Postęp w wykorzystywaniu polimorficznych markerów w tworzeniu map genetycznych stwarza możliwości identyfikacji regionów genomu, w których znajdują się *loci*, wpływające na cechy ważne z ekonomicznego punktu widzenia (*economic trait loci*, ETL). Lokalizacja prawdopodobnych regionów, zawierających ETL oraz ich identyfikacja mogą pozwolić na zwiększenie postępu genetycznego, dotyczącego cech ważnych z hodowlanego punktu widzenia. Dotychczas opisano liczne mutacje punktowe (QTM, *quantitative trait mutations*, QTN, *quantitative trait nucleotide*), które prowadzą do powstania dużego efektu fenotypowego u różnych gatunków zwierząt (Anderson, 2009; Hu i in., 2009).

Najbardziej interesującymi pod względem ekonomicznym cechami pokroju zwierząt

futerkowych są wielkość i budowa (lub/i masa ciała) oraz jakość okrywy włosowej. Cechy te można nazwać szczególnie ważnymi ze względu na ich wysoki udział w cenie skóry. Filistowicz i in. (1999) oznaczyli udział różnych cech skór w ich cenie rynkowej (aukcyjnej). Wagi ekonomiczne dla wielkości i jakości skóry wynosiły odpowiednio 0,64 i 0,34. Badania Wierzbickiego (2005) potwierdziły, że udziały te nieznacznie tylko uległy zmianie w późniejszych latach, przy czym wielkość skóry stanowiła od 60,2 do 60,8%, natomiast jakość od 20,5 do 27,9% ogólnej zmienności jej ceny. Oznacza to, że wartość skór była zależna w zasadzie od tych dwóch wymienionych cech, dlatego celem artykułu jest wskazanie związku genów i regionów QTL dla masy ciała i jakości okrywy włosowej mięsożernych zwierząt futerkowych. Również Socha i in. (2001) stwierdzili, że na fermach zwierząt futerkowych wysoka jakość okrywy włosowej i wielkość zwierząt są najważniejszymi z cech użytkowych, czyli najistotniejszymi dla osiągnięcia wysokich ekonomicznych wyników produkcji.

Geny kandydujące cech ilościowych w hodowli zwierząt futerkowych

Jądrowe DNA

Informacje o genomie psa są wykorzystywane w badaniach zwierząt futerkowych z rodziny psowatych. Genomika psa skupia się głównie na identyfikacji markerów wad i chorób genetycznych. Prowadzone są jednak również badania, mające na celu ustalenie genetycznego podłoża złożoności zróżnicowania morfologicznego. Ze względu na duże różnice, tak masy ciała (od 2 kg – chihuahua, do 80 kg – bull mastiff), jak też kształtu szkieletu (od bassetów, poprzez bokserzy, charty i dogi), psy stały się interesującym obiektem badawczym do poznania poligenicznego charakteru cech ilościowych.

Genetyczne podstawy różnic w wielkości i proporcjach ciała pomiędzy różnymi rasami psów nie zostały jeszcze w pełni wyjaśnione. Wytypowane zostały natomiast potencjalne geny kandydujące. Należą do nich: *TCOF1* (Haworth i in., 2001), który ulega ekspresji podczas rozwoju szkieletu, *IGF1*, który może być genem kandydującym dla zróżnicowania rozmiarów ciała psów (Sutter i in., 2007) i *MSTN* (Mosher i in., 2007), którego mutacja powoduje „podwójne” umięśnienie chartów wyścigowych.

Określenie uwarunkowania genetycznego zróżnicowania morfologicznego psów było pomocne w poszukiwaniu markerów w populacjach hodowlanych zwierząt futerkowych, należących do rodziny *Canidae*. W ostatnich latach podjęto różnokierunkowe badania związku informacji, zawartej w genomie jądrowym i mitochondrialnym z cechami ekonomicznie ważnymi u zwierząt futerkowych (Grzes i in., 2009, 2011; Skorczyk i in., 2011; Du i in., 2010; Ślaska, 2010; Nowacka-Woszek i in., 2012; Ślaska i in., 2015).

Grzes i in. (2009) analizowali sekwencje genu *MSTN* (eksony, introny i sekwencje flankujące) czterech gatunków zwierząt, należących do rodziny *Canidae*: psów, lisów pospolitych, lisów polarnych i jenotów. Zidentyfikowano międzygatunkowe różnice poszczególnych nukleotydów w eksonie pierwszym i trzecim genu. Analizy molekularne sekwencji genu *MSTN* jenota ujawniły obecność jednego (niefunkcjonalnego) polimorfizmu SNP (C/T) w eksonie 1. Nie stwierdzono jednak polimorfizmu funkcjonalnego w genie miostatyny żadnego z objętych badaniami gatunków.

Skorczyk i in. (2011) przedstawili chromosomową lokalizację, porównawczą analizę sekwencji i polimorfizm genu *MC3R* psa, lisa pospolitego, lisa polarnego i jenota. Zlokalizowano osiem miejsc polimorficznych w *MC3R* lisa pospolitego, sześć jenota, dwa psa, natomiast gen lisa polarnego był monomorficzny. Autorzy ci przeprowadzili również badania, mające na celu ustalenie związku pomiędzy kilkoma miejscami polimorficznymi genu *MC3R* i masą ciała lisów pospolitych. Wykazano związek masy ciała z dwoma miejscami polimorficznymi sekwencji 3'-flankującej genu, w możliwych pozycjach przyłączania czynników transkrypcyjnych. Z badań tych autorów wynika, że gen *MC3R* może być genem kandydującym dla masy ciała lisów pospolitych.

Du i in. (2010) przeprowadzili analizę związku polimorfizmów typu podstawień jednukleotydowych genu *GHR* z cechami pokroju lisów polarnych. Autorzy statystycznie potwierdzili związek dwóch polimorfizmów genu *GHR* z masą ciała samic oraz dwóch innych miejsc polimorficznych genu *GHR* z masą ciała samców. Odnotowano również wysoko istotny wpływ dwóch polimorfizmów na długość skóry samic

lisów polarnych. Z tych badań wynika, że gen receptora hormonu wzrostu może być genem kandydującym dla masy ciała lisów polarnych.

Wyniki skanowania grup sprzężeniowych jenota, prowadzące do wskazania regionów o prawdopodobnym wpływie na masę ciała i czystość barwy okrywy włosowej oraz lokalizacja genów *IGF1* i *GHR* w pobliżu *loci* cech ilościowych spowodowały, że wytypowano te geny, jako kandydujące dla cech produkcyjnych jenotów (Ślaska, 2010). Geny *IGF1* i *GHR* mogą zostać wykorzystane w kontynuacji badań i poszukiwaniu mutacji związanych z poziomem cech użytkowych jenotów, a w konsekwencji w selekcji wspomaganiej markerami. Produkty wspomnianych genów są zaliczane do dużej grupy, zwanej osią somatotropową, którą stanowią hormony, czynniki wzrostowe i transkrypcyjne, biorące udział w regulacji procesów wzrostu i różnicowania komórek. Z tego względu, nie jest wykluczony ich związek z cechami jenotów, ważnymi z hodowlanego punktu widzenia.

Masa ciała zwierząt futerkowych jest ważnym elementem w hodowli, ponieważ jest dodatnio skorelowana z wielkością pozyskiwanych skór. Genem kandydującym dla akumulacji tkanki tłuszczowej i wielkości ciała u ssaków jest gen kodujący receptor melanokortyny 4 (*MC4R*). Nowacka-Woszek i in. (2012) poszukiwali związku pomiędzy haplotypami genu *MC4R* a wielkością ciała lisów pospolitych. Analiza fragmentu genu pozwoliła na identyfikację 3 opisanych wcześniej i 3 nowych miejsc polimorficznych typu SNP oraz 2 nowych polimorfizmów insercyjno-delecyjnych. Polimorfizmy zostały zgrupowane w 2 haplotypy. Analiza związku pomiędzy haplotypami a masą ciała nie wykazała jednak istotnych statystycznie różnic pomiędzy poszczególnymi genotypami.

Grzes i in. (2011) przeprowadzili badania, dotyczące związku zidentyfikowanych polimorfizmów genów *FTO* i *INSIG2* (których produkty ekspresji mają związek z predyspozycją do otyłości) a masą ciała i masą skóry po uboju (po usunięciu tkanki podskórnej) lisów pospolitych. Dwie obserwowane zmiany typu SNP (w genie *FTO* i *INSIG2*) zostały wytypowane do analizy ich związku z cechami użytkowymi lisów pospolitych. Uzyskane wyniki wskazują, że obydwa geny mogą być potencjalnymi genami kandydującymi dla wzrostu i gro-

madzenia tkanki tłuszczowej u psowatych.

Mitochondrialne DNA

Intensywny rozwój technik biotechnologicznych, wykorzystywanych w programach hodowlanych zwierząt, pozwala na szybką identyfikację oraz selekcję osobników najbardziej wartościowych z punktu widzenia ich dalszej hodowli. Selekcja genomowa dotyczy jednak wyłącznie markerów jądrowych. Dopiero od kilku lat prowadzone są badania związku mutacji w mtDNA z cechami użytkowymi zwierząt gospodarskich, w tym cechami reprodukcyjnymi oraz z jakością mięsa u bydła, świń i owiec (przegląd w: Ślaska i in., 2014).

Badania takie były również prowadzone u jenotów hodowlanych w Polsce (Ślaska i Grzybowska-Szatkowska, 2011; Ślaska i in., 2015). Stwierdzono u tych zwierząt haplotypy mitochondrialne nie występujące u zwierząt dzikich. Autorzy wywnioskowali, że różnorodność haplogrup mogła być jednym z czynników wpływających na zmianę fenotypu jenotów hodowlanych w stosunkowo krótkim okresie czasu w odniesieniu do selekcionowanych cech użytkowych. Wystąpienie nowych haplotypów i haplogrup mitochondrialnych u zwierząt hodowlanych, w porównaniu z dziko żyjącymi, wskazywało na powstawanie u nich mutacji adaptacyjnych (Ślaska i Grzybowska-Szatkowska, 2011).

Ślaska i in. (2015), kontynuując badania, określili związek pomiędzy polimorfizmami genów mitochondrialnych a cechami użytkowymi jenotów hodowlanych (masa ciała, wielkość ciała, typ barwny, czystość barwy okrywy włosowej, jakość okrywy włosowej). W obrębie fragmentu genu *CYTB* zidentyfikowano 2 haplotypy. Analiza sekwencji nukleotydowej fragmentu genu kodującego I podjednostkę oksydazy cytochromowej wykazała obecność jednego polimorfizmu. W przypadku obydwu genów nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic pomiędzy poszczególnymi genotypami a cechami użytkowymi zwierząt.

Analiza fragmentu genu *COII* pozwoliła na identyfikację 6 miejsc polimorficznych, które zgrupowano w 3 haplotypy (A, B i C). Jedyne w przypadku jednego polimorfizmu odnotowano istotne różnice pomiędzy genotypem a oceną jakości okrywy włosowej. Uzyskane wyniki zostały potwierdzone poprzez analizę związku ha-

plotypów *COII* z cechami użytkowymi. Stwierdzono, że zwierzęta o haplotypach B i C charakteryzowały się istotnie wyższą oceną jakości okrywy włosowej w porównaniu z jenotami o haplociepie A. Dlatego, wskazano gen kandydujący – *COII*, który może być związany z wykształceniem okrywy włosowej. Autorzy sugerują, że analiza polimorfizmu genów *mtDNA* może być użyteczna w selekcji, mającej na celu poprawę jakości okrywy włosowej jenotów (Ślaska i in., 2015).

Loci cech ilościowych (QTL) w hodowli zwierząt futerkowych

Mimo że liczba opisanych regionów QTL w genomach zwierząt gospodarskich jest wielokrotnie większa niż identyfikowanych QTN, jednak skanowanie genomu doprowadziło do ustalenia na poziomie molekularnym mutacji, warunkujących zarówno choroby genetyczne, jak też cechy użytkowe różnych gatunków zwierząt. Mapowanie QTL w genomach różnych gatunków zwierząt gospodarskich przyczyniło się do identyfikacji ponad 30 tys. QTL dla niemal tysiąca siedmiuset cech użytkowych (www.animalgenome.org/QTLdb/). Niestety, „The Animal Quantitative Trait Loci (QTL) Database” (Animal QTLdb) nie obejmuje loci cech ilościowych zwierząt futerkowych.

W poszukiwaniu QTL w genomach różnych gatunków zwierząt hodowlanych są użyteczne gęste, wysycane markerami mapy sprzężeniowe. W przypadku zwierząt futerkowych rozwój genetycznych map genomu nastąpił dopiero w ostatnich latach. Wzbogacenie informacji genomowych o zwierzętach futerkowych było możliwe w dużej mierze dzięki wykorzystaniu wiedzy molekularnej o blisko z nimi spokrewnionym psie (Elo i in., 2006; Ślaska i in., 2007, 2008; Ślaska, 2010). W porównaniu z mapami genomu psa, wiedza o mapach genetycznych zwierząt futerkowych jest mniej zaawansowana, jednak została już wykorzystana w poszukiwaniu QTL istotnych z hodowlanego punktu widzenia.

Dotychczas próby lokalizacji QTL dla masy ciała i jakości okrywy włosowej hodowlanych zwierząt futerkowych zostały podjęte w populacji jenotów (Ślaska i in., 2007; Ślaska, 2010), lisów polarnych (Elo i in., 2006) i nerek (Thirstrup i in., 2014). Ślaska i in. (2007) zlokalizowali hipotetyczne rejony QTL dla jednej

z pięciu cech pokroju jenota. Wyniki skanowania fragmentów DNA w obrębie pięciu grup sprzężeniowych wskazały dwie grupy, w których mogły znajdować się *loci*, warunkujące jakość okrywy włosowej jenota, przy czym wpływy estymatorów addycji i dominacji potencjalnych QTL okazały się negatywne, co świadczy o niepożądanym ich oddziaływaniu na poziom wartości cechy. Wyniki badań wskazały na możliwość występowania obszarów genomu w pobliżu markerów FH3922 i REN230G12, w których mogą pojawiać się mutacje funkcjonalne, wpływające na jakość okrywy włosowej (Ślaska i in., 2007). W 2010 r., na podstawie analizy sprzężeń markerów mikrosatelitarnych zostały określone hipotetyczne regiony *loci* cech ilościowych (QTL) jenota, o statystycznie potwierdzonym wpływie, które mogą być użyteczne w genetycznej poprawie takich cech pokroju, jak masa ciała i czystość barwy okrywy włosowej (Ślaska, 2010).

Poszukiwanie QTL prowadzono także, uwzględniając 5 cech użytkowych lisów polarnych (Elo i in., 2006). Skanowanie genomu w obrębie 17 grup sprzężeniowych wskazało na występowanie dwóch *loci* QTL w jednej z nich, które były w sposób istotny związane z wielkością ciała lisów. Autorzy określili także domniemane QTL dla cech jakości okrywy włosowej, które występowały w czterech z 17 analizowanych grup sprzężeniowych.

Jakość okrywy włosowej jest bardzo ważnym elementem w produkcji nerek, gdyż jest to czynnik, który obok wielkości skóry wpływa na jego cenę. Jest to cecha złożona, na którą składają się przede wszystkim czystość, kolor, struktura i długość włosów okrywowych oraz gęstość okrywy włosowej. Wymienione cechy są trudne do jednoznacznej oceny, co może wpływać na problemy z klasyfikacją według jakości skóry. Stąd, wynika potrzeba poznania wpływu poszczególnych cech jakościowych okrywy włosowej na klasyfikację jakości skóry. Poza budową map genetycznych (Serov i in., 1987; Kuznetsov i in., 2003) badania nad genomem nerek koncentrują się na identyfikacji genów, odpowiedzialnych za uwarunkowanie barwy okrywy włosowej (Anistoroaei i in., 2008; Anistoroaei i in., 2012; Trapezov i in., 2009).

Nieliczne prace badawcze skupiają się na poszukiwaniu genów, odpowiedzialnych za cechy o znaczeniu gospodarczym u nerek. Thir-

strup i in. (2014) określili lokalizację 19 QTL istotnie wpływających na cechy jakościowe i ilościowe okrywy włosowej. Autorzy wywnioskowali, że efekty addytywne były skutkiem różnic fenotypowych pomiędzy badanymi liniami rodzicielskimi (Nordic Brown i American Black). Odnotowano istotny wpływ QTL na długość i grubość włosów okrywowych, gęstość i jakość okrywy włosowej, które mogą sugerować, że niektóre z tych cech są warunkowane przez te same geny. Autorzy stwierdzili, że najważniejszymi cechami, wpływającymi na ogólną jakość skóry norek, są gęstość i wygląd powierzchni okrywy włosowej oraz grubość włosów okrywowych.

Inne podejście, niż typowanie genów kandydujących i analiza sprzężeń, zastosowali

Zatoń-Dobrowolska i in. (2014). Przeprowadzili oni analizę asocjacji pomiędzy genotypami sekwencji mikrosatelitarnych a cechami użytkowymi i anatomicznymi lisów pospolitych. Dziecię analizowanych sekwencji mikrosatelitarnych wykazało istotny związek z czterema cechami (masa ciała, długość ciała, obwód korpusu, długość ogona), które były dodatkowo skorelowane z wielkością ciała, a tym samym z wielkością pozyskiwanych skór, co jest szczególnie istotne dla hodowców zwierząt futerkowych.

Z uwagi na intensywny postęp w zakresie genomiki różnych gatunków zwierząt hodowlanych należy przypuszczać, że w najbliższych latach będzie możliwe wykorzystanie informacji genomowych w prowadzeniu pracy hodowlanej w fermach zwierząt futerkowych.

Literatura

- Andersson L. (2009). Genome-wide association analysis in domestic animals: a powerful approach for genetic dissection of trait loci. *Genetica*, 136: 341–34.
- Anistoroaei R., Fredholm M., Kristensen K., Leeb T. (2008). Albinism in the American mink (*Neovison vison*) is associated with a tyrosinase nonsense mutation. *Anim. Genet.*, 39: 645–648.
- Anistoroaei R., Krogh A.K., Christensen K. (2012). A frameshift mutation in the LYST gene is responsible for the Aleutian color and the associated Chediak-Higashi syndrome in American mink. *Anim. Genet.*, 44: 178–183.
- Du Z.H., Liu Z.Y., Bai X.J. (2010). Association analysis between SNPs of the growth hormone receptor gene and growth traits in arctic fox. *Yi Chuan.*, 32: 599–605.
- Elo K., Keski-Nisula S., Tähtinen J., Ojala M. (2006). Mapping quantitative trait loci affecting economical traits in the blue fox (*Alopex lagopus*). Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, pp. 13–18.
- Filistowicz A., Żuk B., Sławoń J. (1999). Attempt of evaluation of factors determining arctic fox skin prices. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 4: 209–219.
- Grzes M., Nowacka-Woszek J., Szczerbal I., Czerwinska J., Gracz J., Switonski M. (2009). Comparison of the coding sequence and cytogenetic localization of the myostatin gene in the dog, red fox, arctic fox and Chinese raccoon dog. *Cytogenet. Genome Res.*, 126: 173–179.
- Grzes M., Szczerbal I., Fijak-Nowak H., Szydłowski M., Switonski M. (2011). Two candidate genes (*FTO* and *INSIG2*) for fat accumulation in four canids: Chromosome mapping, gene polymorphisms and association studies of body and skin weight of red foxes. *Cytogenet. Genome Res.*, 135: 25–32.
- Haworth K.E., Islam I., Breen M., Putt W., Makrinou E., Binns M., Hopkinson D., Edwards Y. (2001). Canine TCOF1; cloning, chromosome assignment and genetic analysis in dogs with different head types. *Mamm. Genome*, 12: 622–629.
- Hu X.X., Gao Y., Feng C.G., Liu Q.Y., Wang X.B., Du Z., Wang Q.S., Li N. (2009). Advanced technologies for genomic analysis in farm animals and its application for QTL mapping. *Genetica*, 136: 371–386.
- Kuznetsov S.B., Matveeva N.M., Murphy W.J., O'Brien S.J., Serov O.L. (2003). Mapping of 53 loci in American mink (*Mustela vison*). *J. Hered.*, 94: 386–391.
- Mosher D.S., Quignon P., Bustamante C.D., Sutter N.B., Mellersh C.S. i in. (2007). A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Genet.*, 3, e79.
- Nowacka-Woszek J., Skorczyk A., Flisikowski K., Szydłowski M., Switonski M. (2012). Polymorphic variants within a putative upstream open reading

- frame of the MC4R gene do not affect body weight of farmed red foxes. *Anim Genet.*, 43: 480–481.
- Serov O.L., Gradov A.A., Rubtsov N.B., Zhdanova N.S., Pack S.D., Sukoyan M.A., Mullakandov M.R., Zakijan S.M. (1987). Genetic map of the American mink: gene conservation and organization of chromosomes. *Isozymes*, 15: 179–215.
- Skorczyk A., Flisikowski K., Szydłowski M., Cieslak J., Fries R., Switonski M. (2011). Association of the MC3R gene polymorphisms with body weight in the red fox and comparative gene organization in four canids. *Anim. Genet.*, 42: 104–107.
- Socha S., Markiewicz D., Bakuche M. (2001). Analysis of factors influencing body size and hair coat quality of mink (*Mustela vison* Sch.). *Electr. J. Polish Agr. Univ.*; <http://www.ejpau.media.pl/series/volume4/issue2/animal/art-03.html>.
- Ślaska B. (2010). Genomika strukturalna jenota (*Nyctereutes procyonoides procyonoides*). *Rozpr. Nauk. UP Lublin*, zesz. 348.
- Ślaska B., Grzybowska-Szatowska L. (2011). Analysis of the mitochondrial haplogroups of farm and wild-living raccoon dogs in Poland. *Mitochondrial DNA*, 22: 105–110.
- Ślaska B., Jeżewska G., Pierzchała M., Zięba G. (2007). Genetic background of raccoon dog conformation traits and mapping of quantitative trait loci. *Ann. Anim. Sci.*, 7: 237–244.
- Ślaska B., Jeżewska G., Zięba G., Pierzchała M. (2008). Genetic variability and linkage of selected microsatellite markers in the Chinese raccoon dog (*Nyctereutes procyonoides procyonoides*). *Arch. Tierz., Dummerstorf*, 51: 187–198.
- Ślaska B., Makarevič A., Surdyka M., Nisztuk S. (2014). Application aspects of animal and human mitochondrial genomics. *Acta Sci. Pol., Zoot.*, 13: 3–18.
- Ślaska B., Zięba G., Rozempolska-Rucińska I., Jeżewska-Witkowska G., Nisztuk S., Horecka B., Zoń A. (2015). Mitochondrial DNA haplotypes are associated with utility traits in raccoon dogs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* (w druku).
- Sutter N.B., Bustamante C.D., Chase K., Gray M.M., Zhao K. i in. (2007). A single IGF1 allele is a major determinant of small size in dogs. *Science*, 316: 112–115.
- Thirstrup J.P., Anistoroaei R., Guldbrandtsen B., Christensen K., Fredholm M., Nielsen V.H. (2014). Identifying QTL and genetic correlations between fur quality traits in mink (*Neovison vison*). *Anim. Genet.*, 45: 105–110.
- Trapezov O.V., Trapezova L.I., Alekhina T.A., Klochkov D.V., Ivanov Y.N. (2009). Effects of monorecessive and double recessive mutations affecting coat color on the monoamine content of the brain of the American mink (*Mustela vison* Schreber, 1777). *Russ. J. Genet.*, 45: 1450–1453.
- Wierzbicki H. (2005). Breeding value evaluation in Polish fur animals: Factors affecting pelt prices in the international trading system. *Czech J. Anim. Sci.*, 50, 6: 266–272.
- Zatoń-Dobrowolska M., Mucha A., Wierzbicki H., Morrice D., Moska M., Dobrowolski M., Przysiecki P. (2014). Microsatellite polymorphism and its association with body weight and selected morphometrics of farm red fox (*Vulpes vulpes* L.). *Anim. Genet.*, 55: 475–484.

THE ASSOCIATION BETWEEN GENOMIC INFORMATION AND CARNIVOROUS FUR BEARING ANIMALS' UTILITY TRAITS

Summary

In recent years, knowledge about the molecular mechanisms of functional characteristics of fur animals has been expanded. The development of molecular genetics allowed the identification of the regions of chromosomal loci containing genes whose mutated alleles are responsible for the variation in the traits of interest for breeding. Multidirectional studies were undertaken to determine the association between information in the nuclear and mitochondrial genome and economically important traits in carnivorous fur producing animals. They include candidate genes for body weight and quality of the coat and the location of the QTL regions for these characteristics. The results of molecular tests that may be useful for application were shown in this review. Nuclear genes *MC4R*, *GHR*, *IGF-1*, *FTO*, *INSIG2* and mitochondrial *COII* were identified as candidate genes for body weight and quality of coat in farmed fur animals of *Canidae* family. The paper also describes quantitative trait loci in raccoon dogs, mink and arctic foxes that have a significant impact on the most important traits in carnivorous fur producing animals.