

Streszczenie

W minionych latach w odpowiedzi na wzrastający popyt na żywność, w tym surowca mięsnego, konieczna była poprawa wydajności produkcji. Dążąc do osiągnięcia szybszej, większej i tańszej produkcji, celem hodowli stała się poprawa poziomu cech rzeźnych i tucznych. Uzyskanie tego efektu niesie za sobą niekorzystne zjawisko jakim jest spadek jakości mięsa. Wzrost mięsności świń spowodował pogorszenie wodochłonności mięsa, zbyt jasną barwę mięsa, zwiększenie wycieku soku mięsnego oraz zmniejszenie zawartości tłuszczu śródmięśniowego. Skutkowało to mniejszą przydatnością kulinarną i pogorszeniem walorów smakowych (Krzęcio i in., 2003). Jakość mięsa determinuje szereg czynników. Są to czynniki zarówno genetyczne (rasa, płeć, wiek) jak i środowiskowe (żywienie, utrzymanie i transport zwierząt, sposób przeprowadzenia uboju i obróbki poubojowej oraz sposób przechowywania mięsa). Parametry określające jakość mięsa to m.in. smak, zapach, barwa, soczystość oraz kruchość, czyli parametry organoleptyczne.

Oczekiwania i wymagania konsumentów wymuszają coraz wyższy standard jakościowy surowca mięsnego i tym samym nowe spojrzenie na aspekt doskonalenia genetycznego trzody chlewnej. W Polsce dopiero zapoczątkowano proces poprawy jakości mięsa wieprzowego. W tym celu prowadzone są intensywne badania. Włączenie do kryteriów selekcji cech jakości mięsa stwarza szanse na poprawę parametrów ważnych dla konsumentów. Poznanie czynników genetycznych wpływających na jakość w przyszłości może pomóc w selekcji zwierząt o preferowanym wariacie genetycznym, których mięso będzie odznaczać się korzystnymi walorami. Zagadnienie to jest obecnie priorytetem dla producentów i hodowców trzody chlewnej. Analiza wariantów polimorficznych genu *ACTN3* w aspekcie parametrów jakości mięsa wieprzowego oraz innych cech użytkowych świń jest więc uzasadniona z uwagi na charakter molekularny mechanizmu, wskazującego na zróżnicowanie funkcji kodowanego białka.

Cel pracy. Celem niniejszej pracy było wykrycie i analiza polimorfizmu genu *ACTN3* u świni domowej (*Sus scrofa domestica*) oraz ustalenie potencjalnych zależności pomiędzy poszczególnymi genotypami a cechami użytkowymi świń utrzymywanych w Polsce.

Materiały i metody. Badaniami objęto 578 osobników reprezentujących świnię rasy zachowawczej - puławska (159) oraz rasy wysokoprodukcyjnych - wielka biała polska (206) i polska biała zwisłoucha (213). Zwierzęta utrzymywano w takich samych warunkach w Stacji Kontroli Użytkowości Trzody Chlewnej Instytutu Zootechniki PIB w Chorzelowie.

W pierwszym etapie badań przeprowadzono amplifikację fragmentu genu *ACTN3* metodą PCR a następnie uzyskane amplikony poddano sekwencjonowaniu metodą Sanger. Uzyskane sekwencje wraz z sekwencją referencyjną zestawiono ze sobą i porównano w celu identyfikacji różnych wariantów genu *ACTN3*. Sekwencjonowanie umożliwiło detekcję 4 polimorfizmów typu SNP. Są one zlokalizowane w obrębie regionu nieulegającego translacji (5'UTR) i części kodującej. Opracowano odpowiednie metody molekularne (PCR-RFLP i ACRS-PCR), które pozwoliły na zgenotypowanie badanej grupy zwierząt. Analizę zależności pomiędzy genotypami *ACTN3* a cechami użytkowymi przeprowadzono za pomocą pakietu SAS/STAT z użyciem odpowiedniego modelu statystycznego.

Wyniki. Uzyskane dane dotyczące wariantów polimorficznych genu *ACTN3* pokazują, iż cechują się one dość dużą zmiennością. Zidentyfikowane polimorfizmy wpływały istotnie na poszczególne cechy tuczne, rzeźne, jakość mięsa, parametry tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu i mięśnia półbłoniastego jak również na parametry składu włókien mięśniowych u świń różnych ras.

Wnioski. Gen *ACTN3* może kandydować do miana markera genetycznego wybranych cech użytkowych świń utrzymywanych w Polsce.

Dariusz Anton
27.05.2024r.