

STRESZCZENIE

W dzisiejszych czasach właściwie dobrana i zbilansowana dieta uznawana jest za jeden z najważniejszych czynników warunkujących ludzkie zdrowie. Szczególne znaczenie przypisuje się zwłaszcza zawartości w diecie witamin i pierwiastków śladowych. Jednym z nich jest selen (Se). Wielorakie funkcje, które spełnia wewnątrz ustroju, wiążą się przede wszystkim z występowaniem selenoprotein. Niedobór selenu w diecie sprawia, że enzymy wymagające jego wbudowywania nie mogą zostać wyprodukowane lub też są wytwarzane, ale ich funkcja jest upośledzona. Stąd też niedobór selenu może przejawiać się zaburzeniami na różnych poziomach funkcjonowania organizmu. Zawartość Se w naturalnej żywności jest ściśle związana z położeniem geograficznym. Niestety, na terenie Polski gleba jest uboga w selen, co przekłada się również na niedobory tego pierwiastka w organizmach Polaków. Wobec powszechnie występujących deficytów selenu problemem staje się zapewnienie odpowiedniej jego podaży w diecie. Podstawowym źródłem Se są produkty zwierzęce. Obecnie mięso wieprzowe analizowane jest pod kątem polimorfizmów genów, których produkty białkowe mają istotne znaczenie dla jego jakości, w tym właściwości prozdrowotnych. Jednym z istotnych białek jest selenoproteina P (SeP). Białko to uczestniczy w magazynowaniu i transporcie selenu.

Cel pracy. Celem prowadzonych badań jest detekcja polimorfizmów w genie kodującym selenoproteinę P (*SEPP1*) u świni domowej (łac. *Sus Scrofa domestica*) oraz ustalenie ewentualnych zależności pomiędzy genotypami analizowanych fragmentów genu a cechami użytkowymi świń (tuczными i rzeźnymi), wybranymi parametrami jakości mięsa oraz zawartością selenu w mięśni najdłuższym grzbiecie (łac. *musculus longissimus dorsi*).

Hipoteza badawcza. Występowanie zmienności genetycznej w obrębie genu *SEPP1* może wywierać wpływ na cechy produkcyjne świń oraz zawartość selenu w mięśni najdłuższym grzbiecie.

Materiały i metody. Badaniami objęto 722 osobników należących do 3 ras świń: wielka biała polska, polska biała zwisłoucha i puławska. Do izolacji genomowego DNA z fragmentu tkanki mięśnia najdłuższego grzbiecie użyto zestawu Genomic Mini (A&A Biotechnology) oraz Sherlock AX (A&A Biotechnology). W celu wykrywania zmienności, a następnie genotypowania wybranych fragmentów genu *SEPP1* zastosowano metody: PCR-HRM, sekwencjonowanie Sangera, PCR-ACRS, PCR-RFLP oraz analiza wielkości fragmentów z wykorzystaniem sekwenatora kapilarnego CEQ8000 (Beckman Coulter). Zawartość selenu u 163 wybranych prób oznaczono metodą spektrofotometryczną z wykorzystaniem 2,3-

diaminonaftalenu. Analizę statystyczną wyników wykonano za pomocą programu SAS v. 8.02, z zastosowaniem procedury GLM (ang. General Linear Model).

Wyniki. W wyniku przeprowadzonych analiz w obrębie genu selenoproteiny P zidentyfikowano obecność 11 mutacji. Określono częstość występowania pięciu zmian polimorficznych oraz ich wpływ na cechy produkcyjne świń i zawartość selenu w badanych tkankach mięśnia najdłuższego grzbietu. Zidentyfikowane polimorfizmy wpływały istotnie na cechy tuczne (zużycie paszy na kilogram przyrostu, przyrost dzienny), rzeźne (m.in. wydajność rzeźna, masa polędwicy, procent mięsa w tuszy) i jakość mięsa wieprzowego (m.in. wodochłonność mięsa, pH polędwicy i szynki).

Wnioski. Powiązanie wartości liczbowych dotyczących cech mięsa ze zidentyfikowanymi wariantami polimorficznymi genu *SEPP1* pozwoliło poznać ich wpływ. Poszczególne polimorfizmy w genie *SEPP1* mają potencjał wykorzystania jako marker selekcyjny pod kątem standardowych cech produkcyjnych, a jeden z nich predysponowany jest dla nowatorskiego podejścia w celu zwiększenia ilości selenu w mięsie wieprzowym.

01.09.2022 r.
Agnieszka Korpala