

Streszczenie

W dzisiejszych czasach prowadzone są intensywne badania, których celem jest poprawa jakości mięsa wieprzowego. Jakość mięsa to zespół cech decydujących o jego wartości użytkowej oraz cech precyzujących jego wartość odżywczą dla konsumenta. Jednak, dla współczesnego konsumenta spośród licznych parametrów charakteryzujących mięso, najważniejsze są: barwa, kruchość, soczystość oraz smak i zapach czyli parametry organoleptyczne. Przyczyny powyższego zjawiska posiadają wieloczynnikowy charakter i obejmują zarówno aspekty środowiskowe, jak i genetyczne. Ich poznanie pod kątem asocjacji z jakością mięsa wieprzowego może w przyszłości umożliwić selekcję zwierząt o preferowanym wariacie genetycznym, których mięso charakteryzować się będzie korzystniejszymi parametrami jakości mięsa. Jest to priorytetowe zagadnienie dla hodowców i producentów trzody chlewnej. W tym kontekście analiza wariantów polimorficznych genu *HK2* w aspekcie cech użytkowych świń i parametrów jakości mięsa wieprzowego można uznać za uzasadnione z powodu biologicznej roli w regulacji procesu glikolizy, a także z uwagi na charakter molekularny mechanizmu, wskazującego na zmienność kodowanych białek.

Cel pracy. Celem niniejszej pracy była detekcja polimorfizmów w genie kodującym heksokinazę 2 (*HK2*) u świni domowej (łac. *Sus scrofa domestica*) oraz ustalenie potencjalnych zależności pomiędzy genotypami analizowanych fragmentów genu a cechami użytkowymi świń (tuczными i rzeźnymi) oraz wybranymi parametrami jakości mięsa.

Materialy i metody. Badaniami objęto 722 osobników 3 ras świń: polska biała zwisłoucha, wielka biała polska i puławska. Zwierzęta utrzymywano w Stacjach Kontroli Użytkowości Rzeźnej Trzody Chlewnej (SKURTCh) Instytutu Zootechniki PIB w Balicach. Warunki utrzymania wszystkich osobników były takie same. Genomowe DNA wyizolowano z tkanki mięśnia najdłuższego grzbietu przy użyciu zestawów firmy A&A Biotechnology (Polska): Sherlock AX oraz Genomic Mini. W pierwszym etapie badań eksony w genie *HK2* zostały poddane analizie za pomocą metody PCR-HRM. Wytypowane za pomocą tej techniki fragmenty amplifikacji PCR, a otrzymane produkty zsekwencjonowano metodą Sangera. W analizowanych fragmentach genu *HK2* wykazano obecność 15 mutacji. Dla dwóch zidentyfikowanych polimorfizmów, zmian typu SNP znajdujących się: w regionie splicingowym eksonu 7 (g.68177052A>G) oraz w eksonie 12 (g.68167661C>T) opracowano odpowiednią metodę molekularną (odpowiednio PCR-RFLP oraz PCR-ACRS) pozwalającą na oznaczenie frekwencji wybranych mutacji na większej grupie zwierząt. Analiza statystyczna przeprowadzona została przy użyciu pakietu SAS/STAT.

Wyniki. Uzyskane frekwencje wariantów polimorficznych analizowanego genu pokazują, iż występuje zmienność w obrębie genu *HK2*. Zidentyfikowane polimorfizmy wykazują istotną asocjację z wybranymi cechami tucznymi, rzeźnymi oraz jakością mięsa u świń różnych ras.

Wnioski. Gen *HK2* może kandydować do miana genu markera genetycznego wybranych cech tucznych.

Katarzyna Woźniak
20.05.2022