

ZACHODNIOPOMORSKI UNIWERSYTET  
TECHNOLOGICZNY W SZCZECINIE  
WYDZIAŁ BIOTECHNOLOGII I HODOWLI ZWIERZĄT

---

**mgr inż. Dagmara Antoń**

**ANALIZA POLIMORFIZMU GENU ACTN3  
W ASPEKCIE CECH UŻYTKOWYCH ŚWIŃ**

*Rozprawa doktorska wykonana  
w Katedrze Genetyki  
Zachodniopomorskiego Uniwersytetu  
Technologicznego w Szczecinie*

*pod kierunkiem promotora  
dr hab. inż. Daniela Polasika, prof. ZUT*

---

Szczecin 2024

## *PODZIĘKOWANIA*

Dziękuję wszystkim, którzy pośrednio lub bezpośrednio wsparli mnie w realizacji badań wchodzących w skład pracy doktorskiej i dzięki którym jej finalizacja była możliwa, a przede wszystkim była przyjemnością i spełnieniem moich zawodowych marzeń oraz planów.

Prezentowana rozprawa doktorska została przygotowana pod opieką Pana **dr. hab. inż. Daniela Polasika, prof. ZUT**, któremu dziękuję za okazaną pomoc, obdarzenie mnie zaufaniem, cenne uwagi i sugestie, które wpłynęły na ostateczny kształt tej pracy. Dziękuję za życzliwość i zaangażowanie okazane mi podczas kilkuletniej opieki naukowej podczas studiów magisterskich i doktoranckich.

Dziękuję Panu **prof. dr hab. inż. Arkadiuszowi Termanowi** za opiekę merytoryczną w początkowej fazie badań.

Dziękuję także wszystkim **pracownikom i doktorantom** Katedry Genetyki Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie za spokojną i miłą atmosferę pracy, okazywane wsparcie oraz pomoc.

Pragnę również podziękować mojej Rodzinie: **Mężowi** za nieustanne motywowanie do działania i osiągania założonych celów oraz za wiarę we mnie, bezwarunkowe wsparcie i cierpliwość. Dziękuję także moim **Rodzicom** i **Siostram** za zachętę do podejmowania wyzwań oraz wyrozumiałość.

Niniejszą pracę dedykuję mojemu Synowi i Mężowi.

## WYKAZ UŻYWANYCH SKRÓTÓW I TERMINÓW

5'-UTR, 3'-UTR	–	regiony mRNA nieulegające translacji znajdujące się po stronie 5' lub 3' sekwencji kodującej białko (ang. <i>untranslated region</i> )
ACE I	–	inhibitor konwertazy angiotensyny (ang. <i>angiotensin-converting enzyme</i> )
ACRS-PCR	–	modyfikacja metody PCR polegająca na tworzeniu sztucznych miejsc restrykcyjnych (ang. <i>amplification created restriction site-polymerase chain reaction</i> )
ATP	–	adenozyno-5'-trifosforan
ASE	–	wada mięsa; mięso kwaśne, delikatne, ciekące (ang. <i>acid, soft, exudative</i> )
CIE	–	Międzynarodowa Komisja Oświeceniowa (fr. <i>Commission Internationale de l'Eclairage</i> )
CLA	–	sprzężony kwas linolowy (ang. <i>conjugated linoleic acid</i> )
DFD	–	wada mięsa; mięso ciemne, twarde, suche (ang. <i>dark, firm, dry</i> )
DHA	–	kwas dokozaheksaenowy (ang. <i>docosahexaenoic acid</i> )
DNA	–	kwas deoksyrybonukleinowy (ang. <i>deoxyribonucleic acid</i> )
dNTP	–	deoksynukleotydy (ang. <i>deoxynucleotide</i> )
EMCL	–	lipidy pozakomórkowe (ang. <i>extramyocellularlipids</i> )
EPA	–	kwas eikozapentaenowy (ang. <i>eicosapentaenoic acid</i> )
F	–	starter komplementarny używany w reakcji PCR (ang. <i>forward</i> )
FABP	–	białka łączące długołańcuchowe kwasy tłuszczowe (ang. <i>fatty acid binding protein</i> )
FTO	–	włókna mięśniowe szybko kurczące się, oksydacyjno-glikolityczne (ang. <i>fast-twitch-oxidative-glycolytic</i> )
FTG	–	włókna mięśniowe szybko kurczące się, glikolityczne (ang. <i>fast-twitch-glycolytic</i> )
GLM	–	ogólny model liniowy (ang. <i>general linear model</i> )
GUS	–	Główny Urząd Statystyczny
H-FABP	–	białko wiążące kwasy tłuszczowe typu sercowego (ang. <i>heart-type fatty acid binding protein</i> )
HWE	–	równowaga Hardy'ego-Weinberga (ang. <i>Hardy-Weinberg equilibrium</i> )

IMCL	–	lipidy wewnątrzkomórkowe (ang. <i>intramyocellular lipids</i> )
IMF	–	tłuszcz  śródmięśniowy (ang. <i>intramuscular fat</i> )
kDa	–	kilodalton
LSM ± SE	–	średnia najmniejszych kwadratów i błąd standardowy (ang. <i>least squares mean and standard error</i> )
MgCl <sub>2</sub>	–	chlorek magnezu
n	–	liczba osobników
NADH	–	dinukleotyd nikotynoamidoadeninowy
NCBI	–	bioinformatyczna baza danych (ang. <i>National Center for Biotechnology Information</i> )
pbz	–	świnia rasy polska biała zwisłoucha
PCR	–	reakcja łańcuchowa polimerazy (ang. <i>polymerase chain reaction</i> )
PCR-RFLP	–	polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych (ang. <i>polymerase chain reaction - restriction fragments length polymorphism</i> )
PFN	–	wada mięsa; mięso blade, twarde, normalne (ang. <i>pale, firm, normal</i> )
pH	–	ilościowa skala zasadowości oraz kwasowości roztworu wodnego (ang. <i>potential of hydrogen</i> )
pH45	–	pH, którego pomiar został wykonany 45 minut po uboju
pH24	–	pH, którego pomiar został wykonany 24 godziny po uboju
PIB	–	Państwowy Instytut Badawczy
pUC/ <i>Msp</i> I	–	marker DNA
PUFA	–	wielonienasycone kwasy tłuszczowe (ang. <i>polyunsaturated fatty acids</i> )
PSE	–	wada mięsa; mięso blade, delikatne i ciekące (ang. <i>pale, soft, exudative</i> )
PQS	–	system jakości wieprzowiny (ang. <i>Pork Quality System</i> )
pz	–	pary zasad (ang. <i>base pairs</i> )
R	–	starter odwrotnie komplementarny używany w reakcji PCR (ang. <i>reverse</i> )
RFN	–	mięso wieprzowe o normalnej jakości (ang. <i>red, firm, normal</i> )
RGD	–	genetyczna baza danych (ang. <i>The Rat Genome Database</i> )
RSE	–	wada mięsa; mięso czerwone, delikatne, ciekące (ang. <i>reddish-pink, soft, exudative</i> )

SFA	– nasycone kwasy tłuszczowe (ang. <i>saturated fatty acids</i> )
SKURTCh	– Stacja Kontroli Użytkowości Rzeźnej Trzody Chlewnej
SNP	– polimorfizm pojedynczego nukleotydu (ang. <i>single nucleotide polymorphism</i> )
STO	– włókna mięśniowe wolno kurczące się oksydatywne (ang. <i>slow-twitch oxidative</i> )
Tm	– temperatura topnienia (ang. <i>melting temperature</i> )
UV	– promieniowanie ultrafioletowe (ang. <i>ultraviolet light</i> )
wbp	– świnia rasy wielka biała polska
WHC	– wodochłonność (ang. <i>water holding capacity</i> )

## Spis treści

<b>WYKAZ UŻYWANYCH SKRÓTÓW I TERMINÓW.....</b>	<b>3</b>
<b>1. Wstęp.....</b>	<b>9</b>
<b>2. Przegląd piśmiennictwa.....</b>	<b>11</b>
2.1. Znaczenie konsumpcji mięsa wieprzowego .....	11
2.2. Jakość mięsa .....	12
2.2.1. Tłuszcz śródmięśniowy .....	14
2.2.2. Wodochłonność mięsa .....	15
2.2.3. Parametry barwy mięsa .....	16
2.2.4. Odczyn mięsa (pH) .....	18
2.3. Włókna mięśniowe .....	20
2.4. $\alpha$ -aktyniny .....	21
2.5. Gen <i>ACTN3</i> .....	23
2.6. Badania genu <i>ACTN3</i> .....	24
<b>3. Cel pracy .....</b>	<b>26</b>
<b>4. Materiały i metody .....</b>	<b>27</b>
4.1. Materiał badawczy .....	27
4.1.1. Cechy wzrostu .....	27
4.1.2. Cechy tuszy .....	27
4.1.3. Cechy jakości mięsa .....	28
4.1.4. Tekstura mięsa .....	28
4.1.5. Analizy histologiczne .....	29
4.2. Detekcja i analiza polimorfizmu .....	30
4.2.1. Izolacja DNA z tkanek .....	31
4.2.2. Sekwencjonowanie fragmentu genu <i>ACTN3</i> .....	31
4.2.3. Analiza polimorfizmów .....	33
4.3. Analiza statystyczna .....	37

<b>5. Wyniki.....</b>	<b>38</b>
5.1. Analiza zmian polimorficznych wykrytych za pomocą sekwencjonowania metodą Sangera .....	38
5.2. Analiza polimorfizmu genu <i>ACTN3</i> metodami opartymi na PCR.....	41
5.2.1. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5874008 (SNP1).....	44
5.2.2. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873971 (SNP2).....	45
5.2.3. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873908 (SNP3).....	45
5.2.4. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873644 (SNP4).....	46
5.3. Analiza związku badanych wariantów genu <i>ACTN3</i> z cechami tucznymi świń.....	46
5.3.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	46
5.3.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	48
5.3.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	49
5.3.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	50
5.4. Analiza związku badanych wariantów genu <i>ACTN3</i> z cechami rzeźnymi świń.....	51
5.4.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	51
5.4.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	53
5.4.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	54
5.4.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	55
5.5. Analiza związku badanych polimorfizmów genu <i>ACTN3</i> z parametrami jakości mięsa wieprzowego.....	56
5.5.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	56
5.5.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	58
5.5.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	59
5.5.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	60
5.6. Analiza związku badanych wariantów genu <i>ACTN3</i> z parametrami tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu .....	61
5.6.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	61
5.6.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	62
5.6.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	64
5.6.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	66
5.7. Analiza związku badanych wariantów genu <i>ACTN3</i> z parametrami tekstury mięśnia półbłoniastego.....	67
5.7.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	67
5.7.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	69

5.7.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	71
5.7.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	71
5.8. Analiza związku badanych wariantów genu <i>ACTN3</i> z parametrami składu włókien mięśniowych u świń .....	73
5.8.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) .....	73
5.8.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) .....	74
5.8.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) .....	75
5.8.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) .....	76
<b>6. Dyskusja.....</b>	<b>78</b>
6.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1).....	80
6.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2).....	83
6.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3).....	86
6.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4).....	86
<b>7. Stwierdzenia i wnioski.....</b>	<b>89</b>
<b>8. Streszczenie.....</b>	<b>90</b>
<b>9. Abstract.....</b>	<b>92</b>
<b>10. Spis tabel.....</b>	<b>94</b>
<b>11. Spis rycin .....</b>	<b>97</b>
<b>12. Bibliografia.....</b>	<b>99</b>
<b>13. Spis adresów URL.....</b>	<b>106</b>



## 1. Wstęp

Jakość mięsa jest zagadnieniem niezwykle istotnym zarówno dla przemysłu mięsnego XXI wieku jak i również dla samego konsumenta. W większości krajów rozwiniętych popyt na mięso wieprzowe wysokiej jakości stale rośnie. Przemysł mięsny musi konsekwentnie poszukiwać nowych rozwiązań mających na celu dostarczenie wieprzowiny wysokiej jakości, smacznej, bezpiecznej oraz zdrowej, aby zadowolić coraz bardziej wymagających konsumentów. Wyprodukowanie mięsa wysokiej jakości wymaga poznania czynników, które kontrolują cechy jakości mięsa. Na jakość mięsa składa się zespół wszystkich właściwości decydujących o jego przydatności użytkowej, wartości odżywczej oraz akceptowalności konsumenckiej. Pojęcie to obejmuje także bezpieczeństwo zdrowotne oraz wyróżniki jakościowe, takie jak: soczystość, wodochłonność, barwa, kruchość, smak oraz zapach (Sienkiewicz i Lewandowska, 2012).

Powyższe wartości jakości mięsa determinuje szereg czynników, z czego 30% stanowią czynniki genetyczne, zaś aż 70% czynniki środowiskowe (Koćwin-Podsiadła, 1997). Wśród czynników genetycznych warunkujących jakość surowca wyróżniamy genotyp zwierzęcia oraz jego płeć. Kryteria te wpływają na cechy produkcyjne, takie jak: przyrost masy ciała, czas trwania tuczu, zużycie paszy, jakość mięsa oraz wartość rzeźna (Karpiesiuk, 2012). Czynniki środowiskowe, które w zasadniczy sposób wpływają na jakość pozyskiwanego mięsa to wiek, utrzymanie, żywienie, postępowanie przedubojowe i poubojowe - ubój, wychładzanie, przechowywanie oraz proces dojrzewania mięsa (Sionek i Przybylski, 2015).

Smakowitość mięsa wieprzowego kształtuje m. in. obecność wielu różnych tkanek, z których najbardziej wartościową i kluczową jest tkanka mięśniowa. Zasadniczymi jednostkami strukturalnymi mięśni są włókna mięśniowe, różniące się nie tylko pod kątem budowy, ale również pod względem zachodzących w nich procesów metabolicznych. Właściwości biochemiczne włókien mięśniowych określają cechy, rodzaj i tempo zmian poubojowych, istotnie wpływając na smak mięsa. Kluczowe są również takie wartości jak: całkowita liczba włókien, gęstość włókien mięśniowych, średnica oraz pole powierzchni włókien, udział procentowy poszczególnych typów włókien mięśniowych i udział tkanki łącznej właściwej włóknistej luźnej oraz tkanki tłuszczowej. Właściwości skurczowe i metaboliczne mięśni są różnicowane przez dane typy włókien mięśniowych, zatem jakość mięsa jest silnie skorelowana z kompozycją włókien w mięśniach (Ozawa i in., 2000; Ryu i Kim, 2005).

Mięśnie szkieletowe u świń posiadają określony profil włókien mięśniowych, który różni się wieloma cechami m. in. średnicą, tempem skurczu, wytrzymałością na obciążenia, zawartością mioglobiny, liczbą mitochondriów oraz rodzajem przemian energetycznych. Poszczególne typy włókien określane są jako: STO (typ I) - wolno kurczące się, oksydatywne, FTO (typ IIA) - szybko kurczące się, oksydacyjno-glikolityczne i FTG (IIB) - włókna szybko kurczące się, glikolityczne (Kłosowska i Fiedler, 2003). O kompozycji włókien oraz ich średnicy decydują czynniki genetyczne oraz środowiskowe. Bogucka i Kapelański (2016) wykazali, iż procent zawartości włókien danego typu zależy m.in. od rasy świń. U świń rasy puławska procent włókien typu I, gęstość włókien i całkowita liczba włókien w *m. longissimus lumborum* jest istotnie niższa niż u rasy złotnicka pstra i mieszańców (wielka biała polska × polska biała zwisłoucha) × (duroc × pietrain), natomiast procent włókien IIB jest istotnie wyższy. Zrozumienie zależności pomiędzy cechami włókien mięśniowych a cechami jakości mięsa mogłoby udoskonalić produkcję mięsa wysokiej jakości, a manipulacja cechami włókien mięśniowych miałaby ogromny wpływ na rentowność przemysłu mięsnego.

Alfa-aktyniny to białka o masie cząsteczkowej około 100 kDa, które należą do nadrodziny sieciujących białek filamentów aktynowych. Wśród nich wyróżnia się dwie izoformy specyficzne dla mięśni, czyli  $\alpha$ -aktynina-2 i  $\alpha$ -aktynina-3, a także 2 izoformy niemięśniowe:  $\alpha$ -aktynina-1 i  $\alpha$ -aktynina-4. Białka mięśniowe biorą udział w mechanizmie kurczliwości poprzez zakotwiczenie włókien aktyny na linii Z w mięśniach poprzecznie prążkowanych oraz w ciałkach gęstych w komórkach mięśni gładkich. U ludzi  $\alpha$ -aktynina-2 występuje we wszystkich typach włókien mięśni szkieletowych (I, IIA i IIB), zaś  $\alpha$ -aktynina-3 występuje tylko we włóknach typu II, określanymi jako szybko kurczliwe. Rola  $\alpha$ -aktyniny-3 jest kluczowa podczas skurczu mięśnia, ponieważ oprócz udziału w zakotwiczeniu włókien aktyny, ze względu na swoje przestrzenne położenie w komórce w pobliżu enzymu fosforylasy glikogenowej, reguluje jego aktywność oraz wpływa na metabolizm glikogenu w tkance mięśniowej (Musiał i in., 2019).

Występowanie polimorfizmu pojedynczego nukleotydu w sekwencji DNA, szczególnie w obrębie miejsc kodujących, może prowadzić do zmiany struktury kodowanych białek prowadząc do upośledzenia lub całkowitej utraty ich funkcji biologicznych. W przypadku genu kodującego  $\alpha$ -aktyninę-3 (*ACTN3*), powstanie zmienionego białka, wiążącego filamety aktynowe w miofibrylach komórek mięśni poprzecznie prążkowanych może upośledzać funkcję włókien mięśniowych typu II i w konsekwencji wpływać na niektóre cechy użytkowe świń.

## 2. Przegląd piśmiennictwa

### 2.1. Znaczenie konsumpcji mięsa wieprzowego

Rynek produktów spożywczych pochodzenia mięsnego stanowi główny segment gospodarki żywnościowej. Poziom spożycia mięsa jest uzależniony od czynników ekonomicznych oraz pozaekonomicznych. Do ekonomicznych można zaliczyć podaż na rynku jak i również możliwości nabywcze konsumentów. Popyt jest zależny od ceny produktów i ich relacji do cech substytutów, z kolei dochody stanowią obiektywne uwarunkowanie poziomu konsumpcji i spożycia. Dostępność produktów na rynku wewnętrznym jest warunkowana poziomem krajowej produkcji i możliwością uzupełnienia jej importem, a także opłacalnością eksportu. Na konsumpcję mięsa istotny wpływ odgrywają również czynniki pozaekonomiczne, a mianowicie demograficzne, geograficzne, kulturowe (religia, zwyczaje regionalne, tradycje) oraz psychologiczne i społeczne (upodobania konsumentów, jakość, wiedza żywieniowa, marka, marketing) (Wojnar i Kasprzyk, 2014).

Światowa konsumpcja mięsa w ciągu ostatnich 20 lat zwiększyła się ponad dwukrotnie, sięgając 320 mln ton w 2018 r. Do rosnącego popytu na mięso w równym stopniu przyczynił się wzrost liczby ludności na świecie jak i wzrost dochodów. Spożycie mięsa w większości rozwiniętych krajów świata od dziesięcioleci pozostaje na wysokim i w miarę stałym poziomie. W niektórych krajach rozwiniętych w ostatnich kilku latach zauważono spadek popytu na mięso z powodu niepokoju konsumentów o swoje zdrowie, dobrostan zwierząt i środowiska. Według danych GUS w 2021 r. spożycie mięsa w Polsce wyniosło 70,5 kg na mieszkańca i było o 2,8 kg mniejsze niż w roku 2020. W 2021 r. spożycie mięsa drobiowego wyniosło 24,7 kg na mieszkańca, aż o 4,7 kg mniej niż w 2020 r. Zmalało też spożycie mięsa wołowego – z 2,5 kg do 2,2 kg na mieszkańca. Natomiast konsumpcja mięsa wieprzowego wzrosła – z 41,0 kg do 43,4 kg na mieszkańca.

Mięso uważane jest za jedno z najbardziej wartościowych produktów żywnościowych, dostarcza wiele cennych składników odżywczych, takich jak: aminokwasy, jony żelaza, cynku, seleniu czy witaminę B6. Jest źródłem łatwo przyswajalnego białka o wysokiej zawartości niezbędnych aminokwasów, potrzebnych do prawidłowego funkcjonowania organizmu człowieka, które ciężko zastąpić innymi produktami (Gawęcki i Mossor-Pietraszewska, 2004). Jednakże, mięso zawiera również składniki, które występując w dużej ilości czy w niewłaściwych proporcjach, mogą mieć niekorzystny wpływ na zdrowie, np. nasycone kwasy tłuszczowe czy cholesterol (Jimenez-Colomero i in., 2001).

W związku z coraz większą świadomością istnienia chorób, które są następstwem nieprawidłowej diety pożądana jest żywność funkcjonalna, odznaczająca się pozytywnym wpływem na zdrowie człowieka. Dodatkowo w społeczeństwie edukowanym i starzejącym się będzie coraz większe zapotrzebowanie na żywność, która zawiera mniej tłuszczu i więcej związków antyoksydacyjnych (Kołodziej-Skalska i in., 2016).

Wieprzowina przez lata była postrzegana jako mięso niezdrowe i tłuste. Wieloletnie badania i ściśle ukierunkowana praca nad trzodą chlewną pozwoliły uzyskać doskonałe efekty w postaci poprawy mięsności świń oraz zmniejszenia ich poziomu otłuszczenia (Borzuta i Lisiak, 2016). Najnowsze wyniki wskazują, iż współczesna wieprzowina w porównaniu z mięsem z lat ubiegłych zawiera mniej tłuszczu, jej kaloryczność jest zmniejszona, a zawartość cholesterolu niższa (Blicharski i in., 2013). Zawartość białka w mięsie wieprzowym stanowi około 15-21% i jest wyższa w porównaniu do mięsa innych gatunków zwierząt (Gawęcki i Hryniewiecki, 1998). Wartość ta sprawia, że jest ono wybierane jako główne źródło białka w diecie człowieka. Wieprzowina jest źródłem wielonienasyconych kwasów tłuszczowych z rodziny omega-3, takich jak EPA (eikozapentaenowy) oraz DHA (dokozaheksaenowy). Mięso to dostarcza również wielu składników mineralnych i witamin. Jest cennym źródłem witaminy E (silnego przeciwutleniacza), witamin z grupy B (głównie witaminy B6, która odgrywa ważną rolę w ograniczaniu procesów neurodegeneracyjnych) czy żelaza hemowego (lepiej przyswajalne w przeciwieństwie do produktów roślinnych, w których znajduje się żelazo niehemowe). Mięso wieprzowe dostarcza także związki bioaktywne takie jak: karnozyna, tauryna, koenzym Q10 oraz kreatyna (Piotrowska i in., 2012).

## **2.2. Jakość mięsa**

Pojęcie „jakość” wywodzi się z czasów starożytnych od greckiego słowa *poiotes*. Po raz pierwszy zdefiniował je Platon, wskazując, że „jakość konkretnych rzeczy to stopień osiągniętych przez nie doskonałości”. Na przestrzeni lat uczeni modyfikowali i rozwijali definicję jakości mięsa, jednak główny zamysł koncepcji pozostawał zawsze taki sam – zespół ważnych dla surowca mięsnego cech, decydujących o jego wartości użytkowej, jednoznacznie precyzujących czy jest ono odpowiednie pod względem wartości odżywczej dla konsumenta. Na jakość surowca mięsnego i wyrobów z niego wykonanych rzutuje zbiór właściwości, które determinują ich przydatność technologiczno-przetwórczą i kulinarną, bezpieczeństwo zdrowotne, a także stanowią o tym, w jakim stopniu dane produkty będą

zdolne do zaspokojenia odżywczych, organoleptycznych oraz cenowych wymagań konsumentów.

Produkcja surowców i wyrobów wysokiej jakości, będzie zależała od takich samych determinant, które kształtują poszczególne właściwości mięsa. Kształtowanie jakości mięsa wieprzowego rozpoczyna się na etapie chowu zwierząt rzeźnych, a na końcową jakość mięsa wpływa wiele czynników, które można podzielić na przyżyciowe oraz poubojowe.

Wśród czynników przedubojowych istotne znaczenie mają uwarunkowania genetyczne (rasa, płeć, wiek) i poza-genetyczne (system chowu, żywienie i obrót przedubojowy). Duży wpływ na cechy jakościowe mięsa mają również naturalne różnice pomiędzy mięśniami, które są związane z ich funkcją fizjologiczną oraz budową (Kończak, 2008; Warner i in., 2010; Zymon i Strzetelski, 2010).

Mięso dobrej jakości powinno się odznaczać następującymi cechami: żywa, jednolita i stabilna barwa, zależna od rodzaju mięsa (dla mięsa wieprzowego czerwono-różowa, jasnoróżowa); połysk (niewynikający z wycieku); mały wyciek (lub jego brak); zwarta, zwięzła struktura; świeży zapach; kwaskowaty posmak, bez nietypowych aromatów; marmurkowatość, czyli korzystne przetłuszczenie śródmięśniowe; wysoka wartość odżywcza; brak zanieczyszczeń mikrobiologicznych czy chemicznych oraz etyczna produkcja. Mięso o niskiej jakości charakteryzuje się: odbarwieniami, występowaniem poszarzałych obszarów na skutek kontaktu z powietrzem; dużym wyciekaniem swobodnym; mało zwartą luźną strukturą; nietypowym, obcym zapachem; nieprzyjemnym smakiem, występowaniem obcych aromatów; obecnością zanieczyszczeń mikrobiologicznych i chemicznych; pochodzeniem z zakładów o niskiej renomie, niedbających o standardy pracownicze i humanitarne traktowanie zwierząt (Pisula i Pospiech, 2011).

Istotnymi cechami, które charakteryzują jakość końcowego produktu wieprzowiny według Systemu Jakości Wieprzowiny PQS (Pork Quality System) są: barwa mięsa (L\*) w przedziale 43-56; zawartość tłuszczu śródmięśniowego IMF - 0,8-2,5%; wodochłonność (WHC) określana metodą drip loss - 2-5%; kwasowość mięsa (pH1) - 5,8-6,4; zawartość mięsa w tuszy przewyższająca średnią mięsność tusz pochodzących ze skupu masowego i wynosząca średnio nie mniej niż 55%; barwa tłuszczu (słoniny) - biała lub biała z odcieniem kremowym albo lekko różowym; jędrna konsystencja tłuszczu oraz mięso wolne od rybiego zapachu (Mucha, 2022, URL 1)

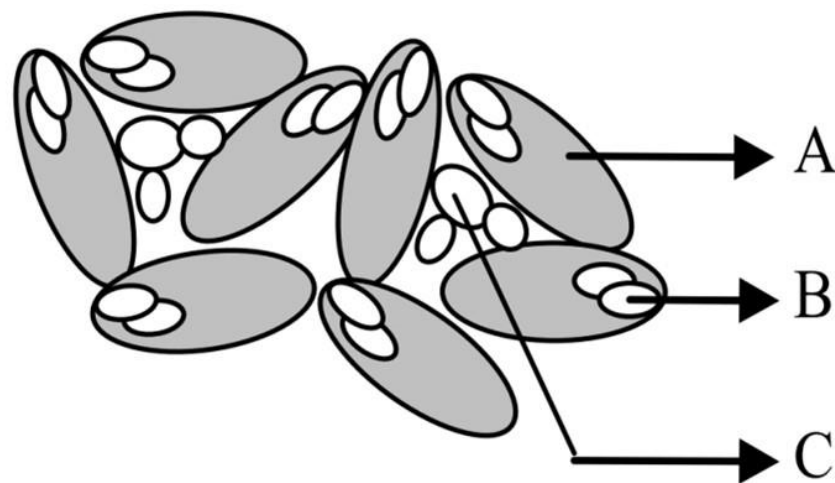
### 2.2.1. Tłuszcz śródmięśniowy

Wybór mięsa przez konsumentów zazwyczaj jest determinowany cechami sensorycznymi, takimi jak: soczystość, barwa, kruchość oraz pożądanym, właściwym smakiem i zapachem. Zagwarantowanie optymalnego poziomu czynników środowiskowych nie zapewnia jednak stałego i wyrównanego poziomu cech sensorycznych. Liczne badania naukowe wykazały pozytywną korelację kryteriów dobrego mięsa z zawartością tłuszczu śródmięśniowego - IMF (ang. *intramuscular fat content*). Dzięki uzyskanym wynikom, oszacowano, że do uzyskania optymalnego smaku mięsa zawartość tłuszczu powinna być na poziomie 2-3%. Taki procent tłuszczu śródmięśniowego nadaje mięsu pożądanym smak, soczystość oraz kruchość. Odpowiednia ilość i jakość tłuszczu wpływają również w znacznym stopniu na jakość technologiczną surowca np. zdolność wiązania wody własnej czy ilość wycieku po obróbce termicznej (Dasiewicz i Chmiel, 2016). Zawartość IMF poniżej 1% uznawana jest za niedopuszczalną, niosącą za sobą ryzyko obniżenia walorów smakowych wieprzowiny, która po obróbce termicznej staje się łykowata i sucha. Nie jest wskazana również zawartość tłuszczu powyżej 3,5%, ze względu na brak rosnącego proporcjonalnie wpływu na parametry sensoryczne mięsa oraz negatywne oddziaływanie na akceptację konsumencką ze względu na zwiększoną widoczność tłuszczu w mięsie (Tyra i Mitka, 2016).

Duża konsumpcja mięsa wieprzowego i rosnący odsetek ludności zapadającej na tzw. choroby cywilizacyjne (układu krążenia czy schorzenia serca) skłania do poszukiwania sposobów na zmniejszenie otłuszczenia tusz wieprzowych. Jednakże, powinno się to odbywać tylko w kierunku obniżania poziomu tłuszczu okrywowego i mięśniowego zaś poziom IMF powinien być wskaźnikiem sukcesywnie podnoszonym podczas selekcji. Pozwala to na uzyskanie mięsa świń o wysokiej mięsności, atrakcyjnych cechach sensorycznych i niskiej zawartości tłuszczu (Szulc i Skrzypczak, 2015).

Tłuszcz śródmięśniowy jest to całkowita ilość tłuszczu, uzyskana podczas ekstrakcji chemicznej, pochodząca ze wszystkich komórek występujących w próbce mięśni, pomijając tkankę tłuszczową otaczającą mięśnie. Pozyskuje się go głównie z adipocytów (lipidy pozakomórkowe - EMCL, ang. *extramyocellularlipids*) i z miocytów (lipidy wewnątrzkomórkowe - IMCL, ang. *intramyocellular lipids* (Rycina 1). W mniejszym stopniu można go uzyskać z wolnych kwasów tłuszczowych obecnych w naczyniach krwionośnych, cytoplazmie komórek mięśniowych oraz osoczu (Gao i Zhao, 2009).

Chemiczny skład tłuszczu śródmięśniowego to: trójglicerydy (70%), fosfolipidy (25%), mono- i diglicerydy, estry cholesterolu i cholesterol oraz wolne kwasy tłuszczowe (5%). Trójglicerydy i fosfolipidy stanowią główne składniki IMF. Fosfolipidy stanowią istotny składnik budowy błony komórkowej, a ich zawartość w IMF u świń jest prawie stała w tożsamy mięśniach, ale inna pomiędzy różnymi typami mięśni (Tyra i Mitka, 2015). Stwierdzono również, iż udział fosfolipidów w mięśniach czerwonych o charakterze oksydacyjnym jest wyższy w zestawieniu z mięśniami białymi o charakterze glikolitycznym. Na podstawie badań wykazano, że wzrost zawartości IMF jest spowodowany przede wszystkim wzrostem zawartości trójglicerydów (Fernandez i in., 1999). W związku z tym podczas badań nad zawartością IMF poszukuje się genów powiązanych z metabolizmem trójglicerydów.



Rycina 1. Schemat obrazujący lipidy wewnątrzkomórkowe (B) i lipidy pozakomórkowe (C) wewnątrz i między włóknami mięśniowymi (A)

Źródło: Gao i Zhao (2009).

### 2.2.2. Wodochłonność mięsa

Przez pojęcie wodochłonności - WHC (ang. *water holding capacity*) rozumie się zdolność utrzymania wody własnej (a dokładniej soku) przez mięso, a również zdolność do wchłaniania wody, dodanej podczas procesu technologicznego. Ten parametr ma podstawowe znaczenie dla konsumentów i przemysłu mięsnego. Wpływa na cechy technologiczne, sensoryczne i zawartość składników odżywczych, a znajomość jego związku z cechami

hodowlanymi i zdarzeniami poubojowymi jest istotna dla uzyskania mięsa dobrej jakości (Barbera, 2009).

Największe znaczenie dla stopnia zatrzymywania wody przez mięso mają czynniki takie jak: zawartość białka, stopień rozwoju powierzchni kontaktu białka z wodą, obecność soli i dodatków wiążących wodę oraz pH. Poza tym istotne są również takie czynniki jak: gatunek i płeć zwierzęcia, typ mięśnia, sposób postępowania przedubojowego, technika uboju a także proces technologiczny. Wodochłonność mięsa jest większa, im większa przestrzeń wewnątrz włókienek mięśniowych dostępna jest dla wody. Zdolność ta może maleć lub rosnać na skutek kierunku i szybkości przemian poubojowych, warunków magazynowania mięsa i dalszego postępowania z nim w przetwórstwie (Tomkiewicz i in., 2012).

Woda w mięsie może występować jako związana, unieruchomiona i wolna. W ilości wody całkowitej (80%) największy udział stanowi woda unieruchomiona w miofibrylach i błonach komórkowych. Woda wolna stanowi pozostały odsetek, której przepływ z tkanek nie jest zahamowany. Przydatność technologiczna mięsa jest tym większa, im większą część wody stanowi w nim woda związana (Honikel, 2009).

Na szczególną uwagę wodochłonności mięsa zwraca się wówczas, gdy jest ono bezpośrednio przeznaczone do obróbki kulinarnej. Parametr wiązania wody ma pośredni lub bezpośredni wpływ na barwę, trwałość oraz teksturę mięsa, w tym soczystość. Mięso, które odznacza się wysoką wodochłonnością traci mniej soku podczas przechowywania i obróbki cieplnej, co poprawia soczystość i zmniejsza wycieki. Soczystość jest powiązana z satysfakcją ze spożywania mięsa. Przy zbyt dużej zawartości wody wolnej, która znajduje się głównie w przestrzeniach kapilarnych jest ona uwalniana w pierwszej fazie rozgryzania, co podczas właściwego żucia skutkuje odczuciem suchego mięsa. Wrażenie soczystości daje jedynie mięso o dużej ilości wody związanej, głównie w przestrzeniach mikrokapilarnych (Domaradzki i in., 2016).

Do metod oceny wodochłonności z wykorzystaniem sił zewnętrznych mogą służyć różne techniki, obecnie najczęściej wykorzystuje się metodę określania wodochłonności Grau-Hamma, określającą zdolność tkanki do utrzymania wody własnej pod wpływem stałego obciążenia (Modzelewska-Kapituła i Cierach, 2012).

### **2.2.3. Parametry barwy mięsa**

Barwa mięsa jest jedną z najistotniejszych cech sensorycznych wieprzowiny, ocenianą przez konsumenta przed smakowitością i kruchością. Dzięki ocenie wizualnej potencjalny



nabywca może wstępnie określić świeżość oraz jakość mięsa i zdecydować się na zakup (Śmiecińska i in., 2018). Barwa jest wrażeniem powstałym u obserwatora, które zostaje wywołane poprzez odpowiednie długości fal świetlnych, emitowane przez źródło światła i modyfikowane przez przedmiot. Przy zmianie jednej z tych składowych wrażenie barwy będzie inne, gdyż będziemy widzieć inną barwę (Fraser i in., 2012). Wrażenie to jest zależne od: rodzaju źródła światła, właściwości fizykochemicznych obiektu obserwacji oraz czułości spektralnej obserwatora. W celu zapewnienia wiarygodnych i powtarzalnych wyników oceny barwy należy zadbać o standardowe źródło światła i „standardowego obserwatora kolorymetrycznego”. Zasada działania instrumentów „mierzących barwę” (kolorymetry, spektrofotometry, densytometry) opiera się na oświetlaniu światłem próby o znanym składzie widmowym, następnie pomiarze światła odbitego lub przepuszczonego przez jej powierzchnię.

Duży postęp w zagadnieniu oceny barwy mięsa pozwolił na powstanie obiektywnych metod pomiarowych. Jedną z nich jest bezpośrednia metoda odbiciowa pomiaru składowych barwy, która jest realizowana w skali „Hunter Lab”, wyrażanych jako  $L^*a^*b^*$  ( $L^*$  - parametr odpowiadający za jasność,  $a^*$  - parametr „czerwoności”,  $b^*$  - parametr „żółtości”). Pozwala ona na „przeniesienie” barwy badanej próby w układ przestrzenny. Dla całościowego opisu barwy produktu potrzebne są informacje o jej trzech atrybutach: jasności, odcieniu (h) i nasyceniu (C). Skala powiązana jest z wartościami trójkromatycznymi X, Y, Z wg systematyki CIE (Commission Internationale de L'Eclairage – Międzynarodowa Komisja Oświetleniowa) dla standardowego źródła światła (Słowiński i in., 2005).

Przeprowadzono liczne badania wskazujące na zależność pomiędzy składowymi barwy  $L^*a^*b^*$  mięsa a jego właściwościami technologicznym. Dowiedziono, że wodochłonność, ubytki masy podczas obróbki termicznej oraz kruchość mięśni piersiowych indyków korelują z ich barwą (McCurdy R.D. i in., 1996). Stwierdzono również istotne zależności pomiędzy jasnością barwy ( $L^*$ ) mięsa a jego pH i wodochłonnością (Barbut, 1997). Barwa wieprzowiny uznana za normalną (różowo-czerwona) powinna przyjmować wartości  $L^*$  w przedziale od 52 do 55 (Koćwin-Podsiadła i in., 1998).

Barwa mięsa w głównej mierze jest zależna od obecnej w mięśniach mioglobiny i jej pochodnych (oksymioglobina i metmioglobina). W kształtowaniu barwy pewną rolę odgrywa również obecność barwnika krwi - hemoglobiny. Jej zawatość w mięsie wynosi od 6% do 16% ogólnego poziomu barwników hemowych. Ważnym czynnikiem jest również struktura białek mięśniowych, która jest funkcją wartości pH (barwa ciemna odpowiada wyższym wartościom pH). Główne różnice w barwie mięsa zauważa się przede wszystkim w jej

jasności. Tuż po uboju mięso odznacza się barwą bladoróżową lub ciemnoróżową, następnie stężenie pośmiertne skutkuje rozjaśnieniem barwy mięsa. Dojrzałe mięso ponownie ma bladoróżową lub ciemnoróżową barwę. Mioglobina pod wpływem tlenu przekształca się w oksymyoglobinę, zaś działanie wysokiej temperatury (pieczenie, gotowanie) skutkuje tworzeniem brązowej metmyoglobiny. Poziom mioglobiny w mięśniach szkieletowych jest zależny m.in. od: rasy, gatunku, wieku i aktywności fizycznej zwierzęcia oraz aktywności fizjologicznej mięśni w okresie przyżyciowym. Starsze zwierzęta, żywione w sposób urozmaicony (o odpowiedniej zawartości żelaza w paszy) charakteryzują się mięsem o większej ilości barwnika. Różnice zawartości barwników występują także pomiędzy poszczególnymi mięśniami w tuszy i są powiązane z ich zróżnicowaną aktywnością ruchową. Większa ilość mioglobiny odpowiada większej pracy mięśnia wykonanej przyżyciowo. Ponadto zawartość mioglobiny jest wyższa w mięśniach złożonych z większej ilości czerwonych włókien mięśniowych niż w mięśniach, które zawierają więcej białych włókien mięśniowych (Borowy i Kubiak, 2014).

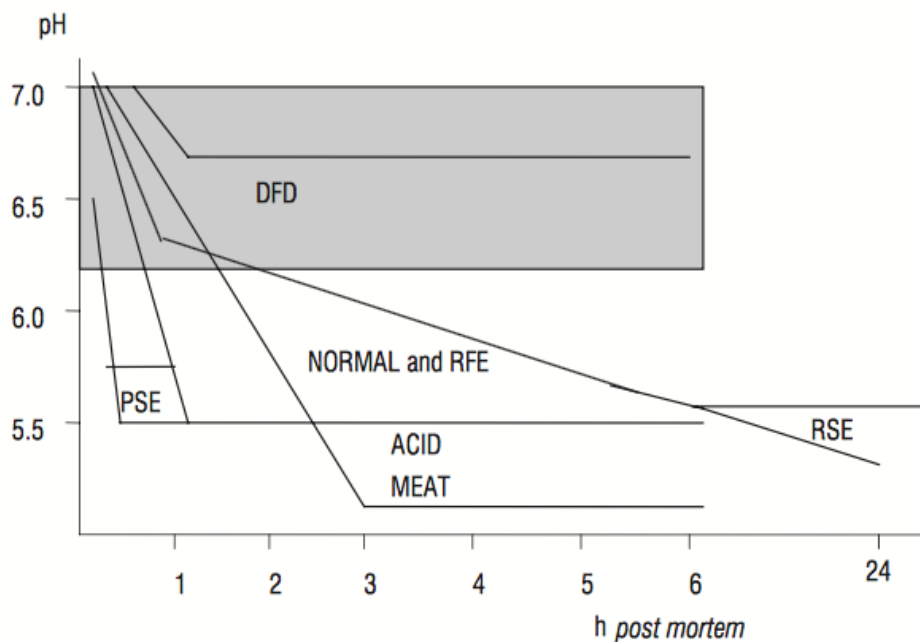
Wieprzowina jest określana mianem czerwonego mięsa. Posiada barwę różowo-czerwoną, która wynika z stosunkowo niewielkiej ilości mioglobiny. W porównaniu do wołowiny ilość tego barwnika jest prawie 4-7 razy niższa i 2-krotnie wyższa niż w mięsie drobiowym (Mroczek, 2015). Kolor świeżego mięsa powinien być w paletcie odcieni od jasnego różu do czerwieni. Mięso od młodszych osobników odznacza się jaśniejszym kolorem. Intensywność barwy jest zależna również od tego, z której części tuszy pochodzi. Barwa danego kawałka powinna być jednakowa na całej powierzchni. Niejednolita barwa i przebarwienia świadczą o przeprowadzeniu niewłaściwego uboju i rozbioru tuszy. Zabarwienia wpadające kolor w żółty lub brązowy mogą sugerować o braku świeżości mięsa (Borowy, 2014).

#### **2.2.4. Odczyn mięsa (pH)**

Istotnym parametrem oceny jakości mięsa jest pomiar stężenia jonów wodorowych (pH). Wykorzystanie pomiarów wartości pH pozwala na oszacowanie stopnia zaawansowania zachodzących zmian w mięsie i jednocześnie występowania ewentualnych odchyłeń jakościowych. Wartość pH mięsa decyduje o wodochłonności, zdolności wchłaniania soli i innych dodatków stosowanych w procesie przetwarzania mięsa, trwałości przechowalniczej oraz jakości sensorycznej mięsa (barwa, soczystość i smakowitość). Bezpośrednio po uboju mięso posiada wartość pH w zakresie 6,8-7,3, ograniczającą jego trwałość przechowalniczą.

W następstwie przemian poubojowych, które są wynikiem procesów glikolitycznych, wartość pH się obniża, aż do osiągnięcia najniższego ułtymatywnego poziomu (pHULT) (Wajdzik, 2018).

W przypadku mięsa wieprzowego najbardziej przydatnymi momentami pomiarowymi wartości pH okazują się: pomiar wartości pH<sub>1</sub> tj. w 45 minucie od chwili uboju (pH<sub>45</sub>) oraz pomiar pH<sub>2</sub> dokonywany po 24 godzinach od uboju (pH<sub>24</sub>). Pomiary wartości pH<sub>1</sub> i pH<sub>2</sub> służą do określenia klasy jakościowej mięsa, które dzieli się na normalne, PSE, DFD, ASE, RSE i PFN (Rycina 2). Najczęściej występującymi wadami są: PSE i DFD, natomiast pozostałe ASE, RSE i PFN są wadami pośrednimi między PSE i DFD. Wartości pH<sub>1</sub> i pH<sub>2</sub> pozwalają na zdiagnozowanie mięsa o normalnym przebiegu glikolizy (mięso RFN ang. *red, firm, normal*), które charakteryzuje się wysokimi cechami jakościowymi i wykluczeniu odchyleń jakościowych typu PSE, DFD czy ASE. Mięso scharakteryzowane jako jako RFN zakwasza się do wartości pH 5,4-5,8 w ciągu 6-12 godzin od uboju zaś wartość pH<sub>1</sub> kształtuje się powyżej 6,3. Wartość pH<sub>2</sub> na skutek dynamiki przebiegu zakwaszania się takiego mięsa uzyskuje wartość 5,5-5,7. (Wajdzik, 2018).



Rycina 2. Zależność między zmianami pH tkanki mięśniowej po uboju a jakością mięsa

Źródło: Koćwin-Podsiadła i in. (2006)

### 2.3. Włókna mięśniowe

Podstawowymi elementami strukturalnymi mięśni poprzecznie prążkowanych są włókna mięśniowe. Stanowią wielojądrzaste komórki o charakterze syntycjum, powstające na skutek zespolenia się wielu komórek - mioblastów. Mioblasty to komórki pochodzenia mezodermalnego, bezpośredni prekursorzy włókien mięśniowych. Każde z włókien otacza sarkolema, zaś wewnątrz komórki wypełniają pęczki włókienek kurczliwych i sarkoplazma. Długość włókien mięśniowych sięga od kilku milimetrów do około 50 cm w zależności od rodzaju mięśnia. Włókna mięśniowe można sklasyfikować pod względem morfologicznym, fizjologicznym i biochemicznym. Według Petera i in. (1972), analizujących aktywność ATP-azy miozynowej, włókna mięśniowe można podzielić na szybko kurczące się glikolityczne (FTG ang. *fast-twitch-glycolytic*), szybko kurczące się oksydatywno-glikolityczne (FTO ang. *fast-twitch-oxidative*) oraz wolno kurczące się oksydatywne (STO ang. *slow-twitch-oxidative*). Brooke i Kaiser (1970) wykorzystując metody histochemiczne dokonali podziału na włókna typu I, IIA i IIB. Z kolei Ashmore i in. (1972) zaproponowali podział na włókna typu  $\alpha$ -red,  $\beta$ -red (czerwone) i  $\alpha$ -white (białe).

Włókna typu I (oksydatywne,  $\alpha$ -red) charakteryzują się dużą ilością mitochondriów i wysokim stężeniem mioglobiny, energię do skurczu wykorzystują z procesów tlenowych. Z kolei włókna typu IIA (oksydatywno-glikolityczne,  $\beta$ -red) czerpią energię wytworzoną w procesie fosforylacji oksydacyjnej zachodzącej w mitochondriach oraz w procesie glikolizy w cytoplazmie. Włókna typu IIB (glikolityczne,  $\alpha$ -white) odznaczają się mniejszą ilością mitochondriów i korzystają w większości z energii wytworzonej w procesie glikolizy (Tabela 1).

U zwierząt kręgowych czynniki środowiskowe (warunki utrzymania zwierząt, żywienie, aktywność fizyczna) w niewielkim stopniu wpływają na typ i średnicę włókien mięśniowych. Typ włókien oraz ich liczba są uwarunkowane genetycznie i zdefiniowane już podczas okresu płodowego. U świń proces kształtowania się pierwszej generacji włókien następuje już między 35. a 55. dniem ciąży. Ostateczna liczba włókien mięśniowych jest określona w 90–95 dniu ciąży (Bereta i Eckert, 2010).

Tabela 1. Charakterystyka włókien mięśniowych.

<b>RODZAJE WŁÓKIEN MIĘŚNIOWYCH</b>			
	I (STO) $\alpha$ -red	II A (FTO) $\beta$ -red	IIB (FTG) $\alpha$ -white
Szybkość skurczu	wolna	szybka	szybka
Wytrzymałość na zmęczenie	+++	++	+
Kolor	czerwone	czerwone	białe
Zawartość mioglobiny	+++	+++	+
Liczba mitochondriów	+++	+++	+
Średnica	+	+++	+++
Zawartość glikogenu	+	+++	+++
Zawartość lipidów	+++	+++	+
Zawartość miozyny ATP	+	+++	+++
Zawartość enzymów glikolitycznych	+	++	+++
Zawartość enzymów utleniających	+++	++	+

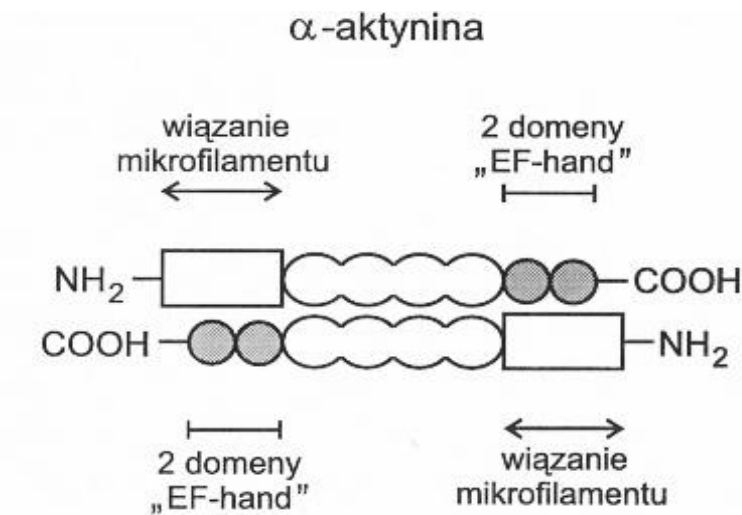
Źródło: Bereta i Eckert (2010)

Pod względem konsumenckim, proporcje typów włókien mogą być odpowiedzialne za wyczuwalne różnice sensoryczne mięsa. Włókna typu I i IIA zawierają znacznie większą ilość tłuszczu wewnątrzkomórkowego w porównaniu do włókien typu IIB. Wpływ na to może mieć specyfika metaboliczna włókien; włókna typu I i częściowo IIA wykazują metabolizm oksydacyjny, zaś włókna typu IIB glikolityczny (Karlsson in., 1999). Wysoka zawartość glikogenu we włóknach typu IIB i IIA jest zaś skorelowana dodatnio z ostatecznym pH mięsa i ujemnie z barwą mięsa i zawartością wody. Zawartość włókien typu IIB w mięsie powyżej 30% może skutkować wystąpieniem wady DFD (mięso suche, twarde i ciemne) (Lundström i in., 1985).

#### **2.4. $\alpha$ -aktyliny**

Cytoszkielecik jest połączony z szeregiem białek i lipidów błony komórkowej. Część podbłonowa cytoszkieletu zbudowana jest głównie z filamentów aktynowych. Są one zorganizowane w gęstą, trójwymiarową sieć, sprawiającą, że peryferyjna warstwa cytoplazmy jest pozbawiona organelli komórkowych. Zorganizowanie przestrzenne kortykalnych filamentów aktynowych oraz ich oddziaływanie z błoną komórkową, są kontrolowane przez białka wiążące aktynę. Jedną z grup białek wiążących aktynę sieciuje filamenty aktynowe i organizują je w równoległe wiązki. Białka te posiadają dwie wyspecjalizowane domeny, tak

zwane domeny „EF-hand”, które odpowiadają za wiązanie jonów wapnia (Rycina 3). Domeny te swoją nazwę zawdzięczają swoistej strukturze trzeciorzędowej. Mechanizm sieciowania filamentów aktynowych przez białka powyższej grupy polega na utworzeniu mostków pomiędzy filamentami i jest to możliwe dzięki dwóm miejscom wiązania aktyny. W przypadku białka  $\alpha$ -aktyniny funkcjonuje ono jako dimer, którego składowe wnoszą po jednym miejscu wiązania aktyny (Kwiatkowska i Sobota, 1997).



Rycina 3. Schemat budowy  $\alpha$ -aktyniny

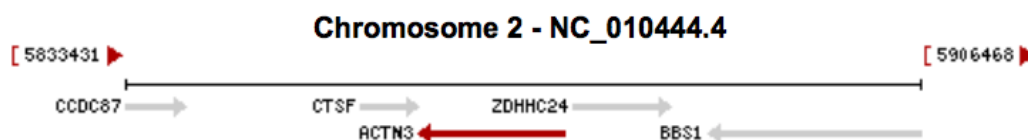
Źródło: Kwiatkowska i Sobota (1997)

$\alpha$ -aktyniny są członkami białek nadrodziny spektralnej. Istnieją cztery geny kodujące izoformy  $\alpha$ -aktyniny: dwie izoformy „mięśniowe” (*ACTN2* i *ACTN3*), oraz dwie izoformy „niemięśniowe” (*ACTN1* i *ACTN4*) występujące praktycznie w każdej tkance. Wykazano, że wszystkie białka mają wspólną homologię i podobne masy cząsteczkowe, około 100 kDa. Posiadają również podobną strukturę: N-końcowe miejsce wiążące aktynę utworzone przez parę domen homologii kalponinowej, centralną domenę prętową zawierającą zmienną liczbę powtórzeń spektralnych i C-końcową domenę kalmoduliny z dwoma motywami dłoni EF. Izoformy mięśniowe wiążą aktynę w sposób niezależny od wapnia, natomiast izoformy niemięśniowe wiążą aktynę w sposób zależny od wapnia (Berman i in., 2010).

W komórkach mięśniówki gładkiej pełnią funkcję stabilizacyjną względem aparatu kurczliwego, w innych typach komórek  $\alpha$ -aktynina położona jest wzdłuż filamentów aktynowych i w punktach adhezji komórkowej. Poprzez powiązanie z licznymi molekułami sygnałowymi, receptorowymi oraz kanałami jonowymi,  $\alpha$ -aktynina pełni bardzo ważną rolę w organizacji cytoszkieletu oraz aparatu kurczliwego komórek (Kłopocka, 2001).

## 2.5. Gen *ACTN3*

Gen *ACTN3* (NCBI, Gene ID: 10051953) został zlokalizowany u świń w chromosomie 2. (SSC2) (Rycina 4). Składa się on z 21 eksonów.



Rycina 4. Lokalizacja genu *ACTN3* u *Sus scrofa domestica* w chromosomie 2

Źródło: URL 1

Gen ten (ENSSSCG00000038323) posiada cztery warianty splicingowe: *ACTN3-201*, *ACTN3-202*, *ACTN3-203* i *ACTN3-204* (Rycina 5). Wariant *ACTN3-201* (ENSSSCT00000088276.2) zbudowany jest z 18 eksonów, 796 aminokwasów, a jego długość to 2523 pz. Wariant *ACTN3-202* (ENSSSCT00000014141.5) zbudowany jest z 20 eksonów, 847 aminokwasów, jego długość to 2683 pz, wariant *ACTN3-203* (ENSSSCT00000081024.2) zbudowany jest z 21 eksonów, 933 aminokwasów, jego długość to 2950 pz, natomiast *ACTN3-204* (ENSSSCT00000014153.5) zbudowany jest z 22 eksonów, 875 aminokwasów, a jego długość to 3061pz.



Rycina 5. Warianty splicingowe genu *ACTN3* u świń

Źródło: URL 2

Gen *ACTN3* koduje białko  $\alpha$ -aktyninę 3, które jest członkiem rodziny białek wiążących filamenty aktynowe w miofibrylach komórek mięśni poprzecznie prążkowanych. Jest jednym z głównych składników aparatu kurczliwego w liniach Z, odpowiada za utrzymanie integralności sarkomerów i struktury cytoszkieletu przez generowanie wiązań poprzecznych, które kotwiczą filamenty aktynowe sąsiednich sarkoidów. Pełni on również funkcję regulacyjną w koordynowaniu skurczu miofibryli. Ulega on ekspresji we włóknach

mięśniowych szybko kurczliwych typu II, które decydują o szybkości i sile mięśni (Fedotovskaya i in., 2012, Ropka-Molik i in., 2018).

## 2.6. Badania genu *ACTN3*

U ludzi gen *ACTN3* został zlokalizowany w chromosomie 11 w pozycji 11q13.1 i koduje on białko o długości 901 aminokwasów. W populacji ludzkiej powszechnie występuje polimorfizm R577X (Arg577Stop), powodujący powstanie krótszego, niefunkcjonalnego białka, na skutek transwersji C w T, gdzie zamiast argininy (allel prawidłowy określany jako R) pojawia się kodon STOP (allel zmutowany określany jako X). Kodowane przez ten gen białko alfa-aktynina wiąże filamenty aktynowe w miofibrylach komórek mięśni poprzecznie prążkowanych i stanowi element linii Z. Homozygoty posiadające dwa allele X w teorii nie są zdolne do produkowania prawidłowego białka  $\alpha$ -aktyniny-3, co może upośledzać funkcję włókien mięśniowych typu II. Jak dotąd nie zaobserwowano zaburzeń w budowie mięśni u osób z genotypem XX (Zawadka i Michalik, 2016). Badania sugerują, iż allel R577R zapewnia przewagę w aktywnościach sprinterskich i siłowych, natomiast allel R577X w sportach wytrzymałościowych. Wykazano również, że proporcja włókien szybko kurczliwych jest wyższa u młodych, zdrowych mężczyzn o genotypie RR w porównaniu do homozygot XX (Vincent i in., 2007).

Badania genu *ACTN3* u koni wykazały z kolei silną korelację pomiędzy różnymi wariantami tego genu a intensywnością treningu u koni czystej krwi arabskiej. Jest to prawdopodobnie związane z regulacją metabolizmu oraz adaptacją komórek do natężonego wysiłku. Stwierdzono istotny spadek ( $p < 0,05$ ) ekspresji genu w mięśniach szkieletowych koni w okresach treningowych przygotowujących do gonitw płaskich, spadek ten był zależny od intensywności ćwiczeń. Najwyższy poziom mRNA genu *ACTN3* stwierdzono u koni nietrenowanych, zaś najniższą ekspresję odnotowano pod koniec sezonu wyścigowego, gdy konie były w pełni przystosowane do wysiłku fizycznego. Zmienność ekspresji genu *ACTN3* podczas treningu koni może być związana ze zmianą intensywności metabolizmu oraz produkcji energii w komórkach mięśniowych, co może być wynikiem rearanżacji architektury cytoszkieletu. Dla obu izoform *ACTN3* potwierdzono ten sam profil ekspresji genów. Przeprowadzono analizę sekwencji *ACTN3* i zidentyfikowano 14 polimorfizmów, które zostały zlokalizowane w regionie promotora 5'UTR (7 SNP), eksonach (2 SNP) i intronach (5 SNP). Dwa z nich, a mianowicie polimorfizm w regionie promotora g.1104G>A i wariant splicingowy c.2334C>T wytypowano jako warianty sprawcze, mogące wpływać na ekspresję genu *ACTN3* (Ropka-Molik i in., 2018).



U myszy badania wykazały natomiast, iż niedobór  $\alpha$ -aktyniny-3 (XX) może wiązać się z szybszym pogorszeniem funkcji mięśni szkieletowych. Zauważono większy spadek masy mięśniowej u 18-miesięcznych samców myszy z niedoborem  $\alpha$ -aktyniny-3 w porównaniu do grupy kontrolnej typu dzikiego (Seto i in., 2011). U myszy z niedoborem  $\alpha$ -aktyniny-3 zauważono również zmniejszenie aktywność fosforylasy glikogenu i tym samym przesunięcie w kierunku metabolizmu tlenowego (Sjöblom i in., 2008).

### 3. Cel pracy

Głównym celem niniejszej rozprawy doktorskiej była analiza zmienności genu *ACTN3* w odniesieniu do cech użytkowych świni domowej (*Sus scrofa domestica*).

Cele szczegółowe rozprawy doktorskiej były następujące:

- detekcja miejsc polimorficznych we fragmencie genu *ACTN3* u świni domowej;
- zaprojektowanie testów opartych na metodzie PCR, pozwalających na analizę wykrytych miejsc polimorficznych;
- ustalenie potencjalnych zależności pomiędzy genotypami *ACTN3* a wybranymi cechami tucznymi i rzeźnymi, jakością mięsa, parametrami tekstury oraz profilem włókien mięśniowych.

## **4. Materiały i metody**

### **4.1. Materiał badawczy**

Do badań wykorzystano osobniki reprezentujące świnie rasy zachowawczej - puławska (typ mięsno-tłuszczowy) oraz ras wysokoprodukcyjnych - wielka biała polska i polska biała zwisloucha (typ mięsny).

Próba badawcza składała się z 578 osobników o następującej liczebności:

- puławska - 159;
- wielka biała polska - 206;
- polska biała zwisloucha - 213.

Zwierzęta pochodziły ze Stacji Kontroli Użytkowości Trzody Chlewnej (SKURTCh) Instytutu Zootechniki PIB w Chorzelowie i były żywione znormalizowanymi dawkami żywieniowymi.

#### **4.1.1. Cechy wzrostu**

W okresie od rozpoczęcia testu do momentu uboju w Stacjach Kontroli Użytkowości Trzody Chlewnej określono następujące cechy wzrostu:

- życiowy przyrost dzienny masy ciała [g/dzień];
- przyrost dzienny masy ciała w tuczu kontrolnym [g/dzień];
- zużycie paszy na kg przyrostu [kg];
- dzienne zużycie paszy [kg];
- wiek w dniu uboju [dni];
- liczba dni tuczu w czasie testu [dni].

#### **4.1.2. Cechy tuszy**

Po tuczu kontrolnym świnie poddano ubojowi, przeprowadzono dysekcję i określono parametry tuszy takie jak:

- wydajność rzeźna [%];
- masa polędwicy [kg];
- masa polędwicy bez słoniny i skóry [kg];
- masa szynki bez słoniny i skóry [kg];
- długość tuszy [cm];
- średnia grubość słoniny z 5 pomiarów [cm];

- szerokość „oka” polędwicy [cm];
- wysokość „oka” polędwicy [cm];
- powierzchnia „oka” polędwicy [cm];
- procentowa zawartość mięsa w tuszy [%];
- masa mięsa wyrębów podstawowych [kg].

#### 4.1.3. Cechy jakości mięsa

Po dyssekcji wycięto fragmenty 2 mięśni - najdłuższego grzbietu (*m. longissimus dorsi*) i półbłoniastego (*m. semimembranosus*), które posłużyły do określenia cech jakości mięsa. Oceniono następujące wskaźniki: zawartość tłuszczu śródmięśniowego (IMF), barwa, pH oraz wodochłonność (WHC). Próbkę do oznaczenia zawartości IMF zostały pobrane ze środkowego obszaru przekroju poprzecznego *m. longissimus dorsi*, zlokalizowanego za ostatnim żebrem. Analizę wykonano na świeżych homogenatach mięśni poprzez ekstrakcję rozpuszczalnikami tłuszczowymi w urządzeniu Soxtherm SOX 406 (*Gerhardt, Niemcy*). Wartość pH oszacowano 45 min (pH45) i 24 h (pH24) po uboju w *m. longissimus dorsi* i *m. semimembranosus* za pomocą miernika pH-Star (*Matthäus, Niemcy*). Parametry barwy mięsa - jasność (L), czerwoność (a) i żółtość (b) określono przy pomocy aparatu typu CR 310 (*Minolta, Japonia*). Do oszacowania WHC zastosowano metodę Grau-Hamma (*Hamm, 1986*).

#### 4.1.4. Tekstura mięsa

Analizę tekstury obu mięśni przeprowadzono wykorzystując test cięcia oraz test TPA (ang. *texture profile analysis*).

W przypadku testu cięcia określono:

- jędrność (*firmness*);
- wytrzymałość (*toughness*).

W przypadku analizy profilu tekstury określono:

- twardość (*hardness*);
- sprężystość (*springiness*);
- kohezję (*cohesiveness*);
- żujność (*chewiness*);
- odbojność (*resilience*).

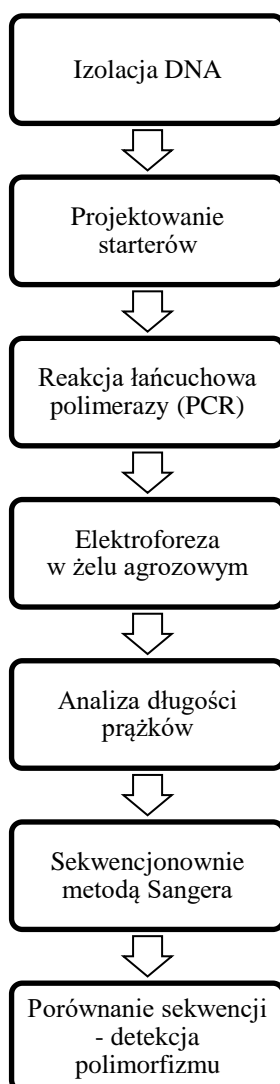
Siłę cięcia oznaczono na mięśniach surowych i gotowanych przy użyciu teksturometru TA-XTplus (*Stable Microsystems, Wielka Brytania*) wyposażonego w ostrze Warnera-Bratzlera z trójkątnym wycięciem. Próbki mięśni (najdłuższy lędźwiowy i m. półbłoniasty) o średnicy ok. 3,5 cm i wadze ok. 200 g zapakowano indywidualnie do opakowania polietylowego i ogrzewano w łaźni wodnej do temperatury 80°C. Następnie próbki schładzano w temperaturze 4°C przez 24 godziny. Mierzono wartość siły cięcia (kg/cm<sup>2</sup>) próbek o średnicy 15 mm, przy prędkości ostrza 4,5 mm/s (średnia z 3 pomiarów), poprzecznie do przebiegu włókien mięśniowych, aż do pełnego przecięcia próbki. Analizę profilu tekstury wykonano przy użyciu tego samego urządzenia wyposażonego w przystawkę, którą stanowił walec o średnicy 50 mm.

#### **4.1.5. Analizy histologiczne**

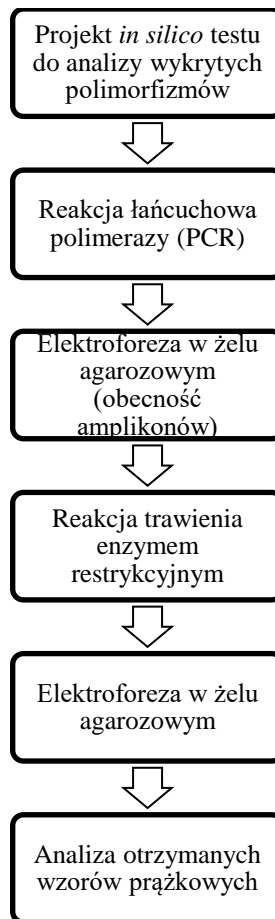
Próby do badań histologicznych stanowiły tkanki o wielkości 1 cm<sup>3</sup> (cięte równolegle do przebiegu włókien mięśniowych). Pobrano je w ciągu 45 min. po uboju z mięśnia najdłuższego grzbietu na wysokości 5 kręgu odcinka lędźwiowego kręgosłupa. Następnie zostały zamrożone w ciekłym azocie w temp. -196°C. Próbki pocięto w kriostacie MEV (*Slee, Niemcy*) w temp. -20°C na skrawki o grubości 10 µm i poddano reakcji na wykrywanie dehydrogenazy NADH (diaforazy). Otrzymane preparaty zostały przeanalizowane w mikroskopie świetlnym Eclipse 50i (*Nikon, Japonia*) pod względem procentowej zawartości poszczególnych typów włókien mięśniowych (PRI, PRIIA, PRIIB) oraz ich średnicy (FI, FIIA, FIIB) z wykorzystaniem programu analizy obrazu MultiScan v. 18.03 (*Computer Scanning Systems Ltd, Polska*). W każdym preparacie histologicznym analiza objęła minimum 300 włókien każdego rodzaju.

## 4.2. Detekcja i analiza polimorfizmu

W celu wykrycia i analizy polimorfizmu posłużono się metodami, które przedstawiono na poniższych schematach (Rycina 6 i 7).



Rycina 6. Schemat przedstawiające etapy detekcji polimorfizmu genu *ACTN3*



Rycina 7. Schemat przedstawiający etapy określania poszczególnych wariantów genu *ACTN3*

#### 4.2.1. Izolacja DNA z tkanek

Izolację DNA przeprowadzono z pobranych fragmentów tkanek mięśniowych z użyciem zestawu High Pure PCR Template Preparation Kit (*Roche, Szwajcaria*). Zestaw umożliwia izolację DNA genomowego z tkanek zwierzęcych za pomocą minikolumnien z wykorzystaniem zjawiska adsorpcji kwasów nukleinowych na włóknach szklanych oraz z użyciem proteinazy K. Procedurę izolacji przeprowadzono zgodnie z załączonym przez producenta protokołem.

#### 4.2.2. Sekwencjonowanie fragmentu genu *ACTN3*

##### 4.2.2.1. Reakcja łańcuchowa polimerazy PCR

Startery do PCR zaprojektowano z użyciem programu Primer3 (URL 3) w oparciu o sekwencję genu *ACTN3* zdeponowaną w bazie Ensembl (URL 2) o numerze ENSSCG00000038323 (Sscrofa11.1). Zaprojektowane startery (Tabela 2) obejmowały

fragment DNA o długości 796pz zlokalizowany przed eksonem 1. (149pz), ekson 1. (281pz), intron 1. (105pz), ekson 2. (184pz) i fragment intronu 2. (77pz).

Tabela 2. Sekwencje starterów do amplifikacji fragmentu genu *ACTN3* w wykorzystane do sekwencjonowania

Starter	Sekwencja
pACTN3exon1-2F	5' CAGCACATTCTCCCTCAACC 3'
pACTN3exon1-2R	5' CCTGCTAAGATGCCAAGGAC 3'

W celu przeprowadzenia reakcji PCR wykorzystano gotową mieszaninę – PCR Mix Plus Red (*A&A Biotechnology, Polska*). Skład mieszaniny przedstawia się następująco:

- 0,1 U/μl polimerazy DNA *Taq*;
- 4 mM MgCl<sub>2</sub>;
- 0,5 mM każdego z dNTP;
- bufor PCR, stabilizatory, anty-inhibitory reakcji polimeryzacji, czerwony barwnik oraz bufor obciążający.

Dla każdej próby przygotowano mieszaninę reakcyjną składającą się ze składników przedstawionych w Tabeli 3.

Tabela 3. Skład pojedynczej mieszaniny reakcyjnej użytej do PCR

Składnik	Objętość na 1 próbę
PCR Mix Plus Red (2x)	5,0 μl
Starter <i>forward</i> (10uM)	0,7 μl
Starter <i>reverse</i> (10uM)	0,7 μl
Woda jałowa, wolna od nukleaz	2,9 μl
DNA	0,7 μl
Całkowita objętość	10,0 μl

Optymalną temperaturę przyłączenia starterów wytypowano za pomocą termocyklera z gradientem temperatury TGradient (*Biometra, Niemcy*). Profil temperaturowy PCR przedstawiono w Tabeli 4.



Tabela 4. Profil temperaturowy PCR

Warunki PCR			Ilość cykli
Denaturacja wstępna	94°C	5 minut	30
Denaturacja	94°C	45 s	
Annealing	61°C	45 s	
Elongacja	72°C	45 s	
Elongacja końcowa	72°C	5 minut	

#### 4.2.2.2. Elektroforeza

W celu identyfikacji amplikonu przeprowadzono elektroforezę w 1,5% żelu agarozowym z dodatkiem bromku etydy. Długość amplikonu identyfikowano z użyciem wzorca masy molekularnej DNA BenchTop PCR Markers (*Promega, Stany Zjednoczone*). Elektroforezę przeprowadzono w aparacie PowerPac Basic (*Biorad, Stany Zjednoczone*) przy napięciu 100 V przez 30 minut. Wyniki rozdziału wizualizowano za pomocą trasiluminatora UV Quantum (*Vilber Lourmat, Francja*) i dokumentowano stosując program BioPrint (*Vilber Lourmat, Francja*).

#### 4.2.2.3. Sekwencjonowanie metodą Sanger

Uzyskane amplikony fragmentu genu *ACTN3* poddano sekwencjonowaniu metodą Sanger. Procedura została wykonana przez firmę Genomed (*Polska*). Sekwencjonowaniu poddano 6 prób reprezentowanych przez dwa osobniki z każdej rasy. Sekwencyjny PCR został wykonany z każdym starterem (pACTN3exon1-2F, pACTN3exon1-2R) oddzielnie w celu dokładnego potwierdzenia obecności wykrytego polimorfizmu. Uzyskane sekwencje zostały udostępnione w formacie dokumentu tekstowego zawierającego sekwencję (\*.seq) oraz fluorogramu w formacie .abi lub .ab1. Fluorogram przeanalizowano w programie Chromas (*Technelysium Pty Ltd, Australia*). Sekwencje zestawiono ze sobą i porównano stosując program Muscle (Edgar, 2004).

#### 4.2.3. Analiza polimorfizmów

##### 4.2.3.1. Reakcja łańcuchowa polimerazy PCR

Sekwencjonowanie amplikonów pozwoliło na wykrycie miejsc polimorficznych w genie *ACTN3* świni domowej. Porównując uzyskane wyniki z sekwencją genu zdeponowaną w bazie Ensembl (ENSSSCG00000038323, Sscrofa11.1) określono dokładną

lokalizację wykrytych polimorfizmów. Do analizy polimorfizmu u badanych zwierząt wykorzystano metody PCR-RFLP (polimorfizm długości fragmentów restrykcyjnych) i ACRS-PCR (ang. *artificially created restriction site*). W metodzie PCR-RFLP wykorzystano startery użyte do sekwencjonowania, natomiast do ACRS-PCR zaprojektowano je manualnie, a ich właściwości określono za pomocą programu OligoCalc (URL 4). Metodę ACRS-PCR zastosowano jako alternatywę dla PCR-RFLP ze względu na przecinanie sekwencji w kilku miejscach lub braku specyficzności. Technika ta wprowadza nowe, sztuczne miejsca restrykcyjne za pomocą startera, który nie jest w pełni komplementarny (ang. *mismatch*) do matrycy. Zaprojektowane startery zestawiono w Tabeli 5. Zaprojektowane do reakcji ACRS-PCR startery *forward* nie były w pełni komplementarne do sekwencji DNA, przez co powstałe amplikony zawierały nowe miejsca restrykcyjne rozpoznawane przez odpowiednio dobrane enzymy. W poniższej tabeli przedstawiono sekwencję zaprojektowanych starterów oraz wskazano miejsca zamiany nukleotydów.

Tabela 5. Tabela przedstawia sekwencje starterów wykorzystanych w analizie polimorfizmu genu *ACTN3*; kolorem czerwony zaznaczono zmianę wprowadzaną przez starter

Nazwa	Sekwencja
SNP1_F	F 5' GTCTGCAACCGCTATTGTTATCGT <b>G</b> AT 3'(w matrycy <b>C</b> )
SNP1_R	R 5' GATCCGGGATTCGCGTTTTGGCT 3'
SNP2_F	F 5' CAGCACATTCTCCCTCAACC 3'
SNP2_R	R 5' CCTGCTAAGATGCCAAGGAC 3'
SNP3_F	F 5' GAATCCCGGATCTCCGCTATGAT <b>A</b> T 3'
SNP3_R	(w matrycy <b>G</b> ) R 5' CTCCAGAACTTGGGGACCGC 3'
SNP4_F	F 5' GAGGGGCCCTTCGCAGGCT <b>G</b> A 3'(w matrycy <b>G</b> )
SNP4_R	R 5' TGGGCTAGCACTCACTTTCCTCTGC 3'

Zaprojektowane startery zostały zsyntetyzowane firmie w Genomed (*Polska*). Liofilizat ze starterami rozpuszczono w 10 mM Tris-HCl w rekomendowanej przez dostawcę objętości. PCR przeprowadzono z użyciem tej samej mieszaniny jak w pierwszym etapie badań -PCR Mix Plus Red (*A&A Biotechnology, Polska*), a objętość poszczególnych składników przedstawiono w Tabeli 6.

Tabela 6. Odczynniki użyte w PCR do analizy polimorfizmu genu *ACTN3*

Odczynnik	Objętość na 1 próbę
PCR Mix Plus Red (2x)	7,5 µl
Starter Forward (10uM)	1,0 µl
Starter Reverse (10uM)	1,0 µl
Woda jałowa, wolna od nukleaz	4,5 µl
DNA	1,0 µl
Całkowita objętość	15,0 µl

Optymalną temperaturę przyłączenia starterów dla metody ACRS-PCR wytypowano za pomocą termocyklera z gradientem temperatur TGradient (*Biometra, Niemcy*). Profil termiczny poszczególnych reakcji zestawiono w Tabeli 7.

Tabela 7. Profil temperaturowy dla PCR w celu identyfikacji polimorfizmu

Wariant	Warunki reakcji PCR			Ilość cykli	Długość ampliconu
	Etap	Temperatura	Czas		
SNP1	Denaturacja	94°C	45 s	35	114 pz
	Annealing	66°C	45 s		
	Elongacja	72°C	60 s		
SNP2	Denaturacja	94°C	60 s	35	796 pz
	Annealing	61°C	30 s		
	Elongacja	72°C	45 s		
SNP3	Denaturacja	94°C	45 s	35	193 pz
	Annealing	60°C	45 s		
	Elongacja	72°C	45 s		
SNP4	Denaturacja	94°C	45 s	35	126 pz
	Annealing	65°C	45 s		
	Elongacja	72°C	45 s		

Czas i temperatura denaturacji wstępnej oraz syntezy końcowej były takie same dla wszystkich reakcji i wynosiły odpowiednio 94°C/5 min i 72°C/5 min.

#### 4.2.3.2. Analiza restrykcyjna

Analizę restrykcyjną przeprowadzono z użyciem programu Insilico (URL 5) i NEBcutter (URL 6). Jej celem było wytypowanie enzymów restrykcyjnych (Tabela 8.), które mogą posłużyć do identyfikacji wariantów genu *ACTN3*.

Tabela 8. Wytypowane enzymy restrykcyjne wraz z rozpoznawaną sekwencją obejmującą analizowany polimorfizm

Wariant	Enzym restrykcyjny	Sekwencja rozpoznawana przez enzym
SNP1	<i>MboI</i>	5' ↓ G A T C 3' 3' C T A G ↑ 5'
SNP2	<i>Eco0109I</i>	5' R G ↓ G N C C Y 3' 3' Y C C N G ↑ G R 5'
SNP3	<i>EcoRV</i>	5' G A T ↓ T C 3' 3' C T A ↑ T A G 5'
SNP4	<i>Eco57I</i>	5' C T G A A G N <sub>16</sub> ↓ 3' 3' G A C T T C N <sub>14</sub> ↑ 5'

Za pomocą programu RestrictionMapper (URL 7) sprawdzono długość i rozkład fragmentów restrykcyjnych dla ampliconów uzyskiwanych z użyciem starterów przedstawionych w Tabeli 5.

Produkty reakcji PCR rozdzielano elektroforetycznie w 1-1,5% żelach agarozowych z dodatkiem bromku etydyny; oceniano 5 µl produktu reakcji PCR w obecności markera DNA (BenchTop PCR Markers, *Promega, Stany Zjednoczone* lub pUC19/*MspI, Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*). Po pozytywnej ocenie obecności ampliconu o pożądanej długości, pozostała objętość (10 µl) była inkubowana w temp. 37°C przez całą noc z odpowiednim enzymem restrykcyjnym wg schematu przedstawionego w Tabeli 9. Fragmenty restrykcyjne poddano rozdziałowi elektroforetycznemu w żelach agarozowych o stężeniach od 2,5-4%, zależnych od ich długości. Elektroforezę i wizualizację żeli przeprowadzono taka samo jak opisano w rozdziale 4.2.2.2.

Tabela 9. Objętości składników mieszaniny restrykcyjnej

Odczynnik	Objętość na 1 próbę
10 x Buffer 1 / 10 x Buffer Tango / 10 x Buffer R / 10 x Buffer G	1,3μl
Enzym (10 U/μl)	0,3 μl
Woda jałowa	1,4 μl
Amplikon	10,0 μl
Łączna objętość	13,0 μl

### 4.3. Analiza statystyczna

Wartości liczbowe cech określonych u świń odniesiono do zidentyfikowanych wariantów genu *ACTN3*. Analizę statystyczną wykonano za pomocą programu SAS v. 8. 02, z użyciem procedury GLM (ang. *General Linear Model*).

W obliczeniach wykorzystano następujący model statystyczny:

$$Y_{ijkl} = \mu + b_i + g_j + s_k + (bg)_{ij} + \beta SW + e_{ijkl}$$

gdzie:

$Y_{ijkl}$  – obserwacja;

$\mu$  – średnia wartość danej cechy;

$b_i$  – stały efekt *i*-tej rasy;

$g_j$  – stały efekt *j*-tego genotypu genu *ACTN3*;

$s_k$  – stały efekt *k*-tej stacji kontrolnej (Chorzaków, Mełno, Pawłowice);

$(bg)_{ij}$  – interakcja pomiędzy  $b_i$  rasą a grupą genotypową  $g_j$  (gdy była istotna);

$\beta SW$  – kowariancja na masę półtuszy (tylko dla cech rzeźnych);

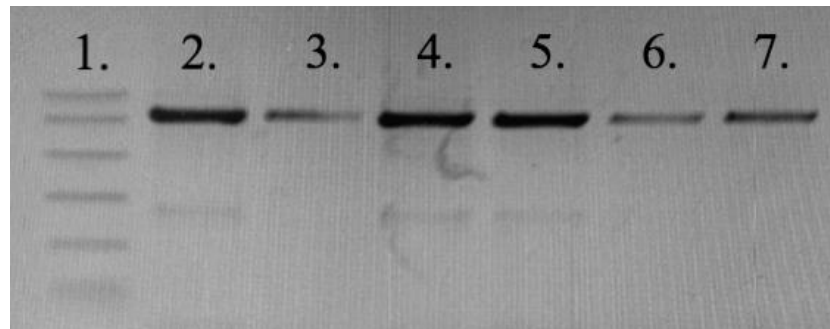
$e_{ijkl}$  – błąd losowy.

Analizę zależności przeprowadzono oddzielnie dla każdej badanej rasy oraz dla grupy łączonej, obejmującej wszystkie rasy. Stan równowagi Hardy’ego-Weinberga pomiędzy genotypami obliczono przy wykorzystaniu oprogramowania Court Lab – HW calculator (Michael H. Court; 2005-2008).

## 5. Wyniki

### 5.1. Analiza zmian polimorficznych wykrytych za pomocą sekwencjonowania metodą Sanger

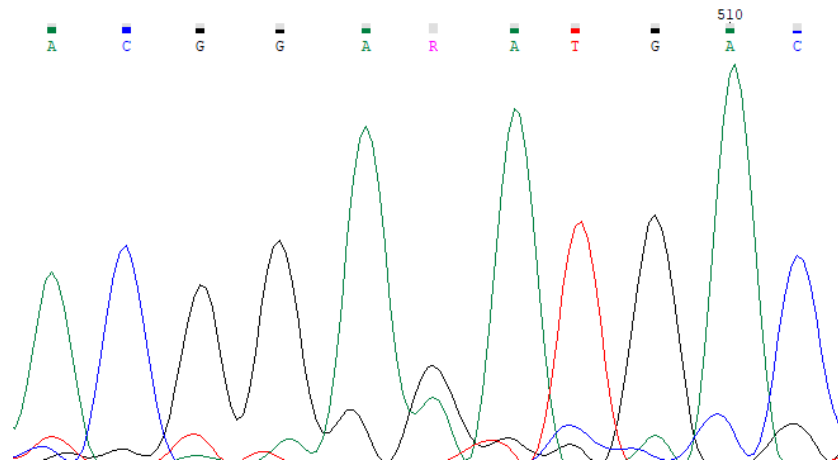
Przeprowadzona reakcja PCR pozwoliła uzyskać amplikony o oczekiwanej długości - 796pz (Rycina 8), co stanowiło podstawę do przeprowadzenia reakcji sekwencjonowania metodą Sanger.



Rycina 8. Zdjęcie 1,5% żelu agarozowego rozdziału elektroforetycznym produktów PCR fragmentu genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - wzorzec BenchTop PCR Markers (*Promega, Stany Zjednoczone*); ścieżki 2-7 amplikony o pożądanej długości, które poddano sekwencjonowaniu

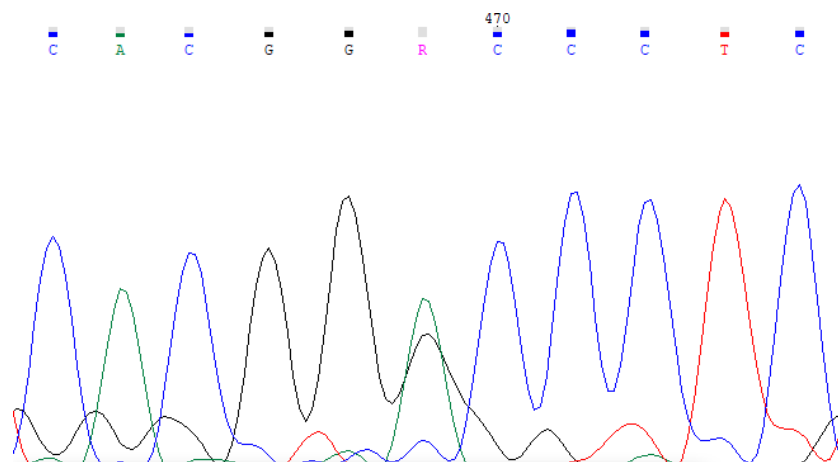
Sekwencjonowanie fragmentu genu *ACTN3*, zestawienie i porównanie uzyskanych sekwencji wraz z sekwencją referencyjną (ENSSSCG00000038323) z wykorzystaniem programu Muscle (Edgar, 2004) umożliwiło detekcję 4 miejsc polimorficznych typu SNP – polimorfizm pojedynczych nukleotydów (ang. *single nucleotide polymorphism*).

Pierwszy z nich mieści się w pozycji 2:5874008 i polega na zamianie cytozyny na tyminę (C>T) (Rycina 9).



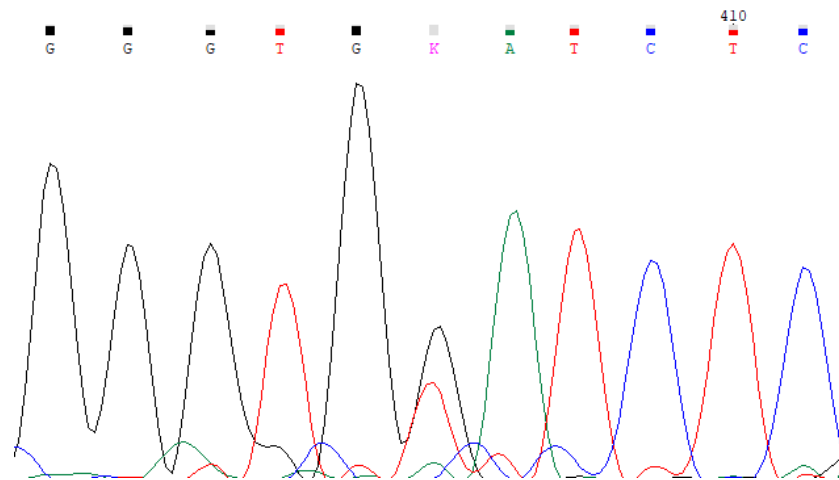
Rycina 9. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu *ACTN3* (R - substytucja C>T)

Kolejny polimorfizm zlokalizowano w pozycji 2:5873971 i polega na substytucji cytozyny na tyminę (C>T) (Rycina 10).



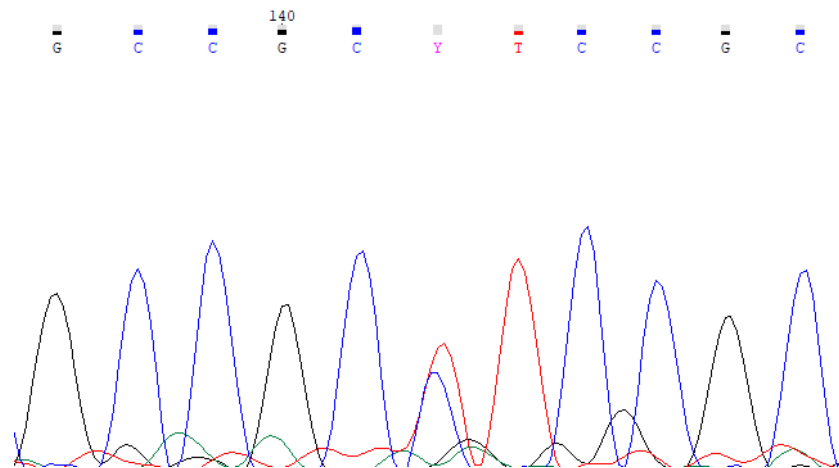
Rycina 10. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu *ACTN3* (R - substytucja C>T)

Trzeci wariant, został zlokalizowany w pozycji 2:5873908 i powoduje zmianę cytozyny na adeninę (C>A) (Rycina 11).



Rycina 11. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu *ACTN3* (K - substytucja C>A)

Ostatni polimorfizm został zlokalizowany w pozycji 2:5873644 i polega na zmianie adeniny w tyminę (A>T) (Rycina 12). Jest to mutacja zmiany sensu, powodująca substytucję kodonu dla seryny na kodon dla glicyny.



Rycina 12. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu *ACTN3* (Y - substytucja A>T)

Na potrzeby ujednolicenia tekstu rozprawy doktorskiej nadano każdej ze zmian nazwę - SNP1, 2, 3, 4 (Tabela 10). W dalszej części tekstu użyto przypisanych nazw.



Tabela 10. Zidentyfikowane warianty genu *ACTN3*

Lokalizacja wariantu	Nazwa	Pozycja/rs	Rodzaj wariantu	Przypisana nazwa
Ekson1	2:5874008C>T	2:5874008	5'UTR SNP	SNP1
Ekson 1	ENSSSCT00000014153.5:c.-167C>T NC_010444.4:g.5873971G>A	2:5873971 rs3470106093	5'UTR SNP	SNP2
Ekson1	ENSSSCT00000014153.5:c.-104C>A NC_010444.4:g.5873908G>T	2:5873908 rs3474145176	5'UTR SNP	SNP3
Ekson 2	NC_010444.4:g.5873644T>C ENSSSCT00000014141.5:c.61A>G ENSSSCP00000013755.3:p.Ser21Gly ENSSSCT00000014153.5:c.-21A>G ENSSSCT00000081024.2:c.61A>G ENSSSCP00000067659.2:p.Ser21Gly ENSSSCT00000088276.2:c.61A>G ENSSSCP00000073454.2:p.Ser21Gly	2:5873644 rs1113690026	SNP niesynonimiczny	SNP4

Do dalszych badań wytypowano wszystkie cztery zmiany zidentyfikowane poprzez sekwencjonowanie fragmentu genu *ACTN3* z uwagi na ich potencjalną funkcję. Są one zlokalizowane w obrębie regionu nieulegającego translacji (5'UTR) i części kodującej. Wszystkie zmiany to substytucje pojedynczego nukleotydu, a jedna z nich może prowadzić do zmiany aminokwasu z seryny na glicynę w sekwencji aminokwasowej białka.

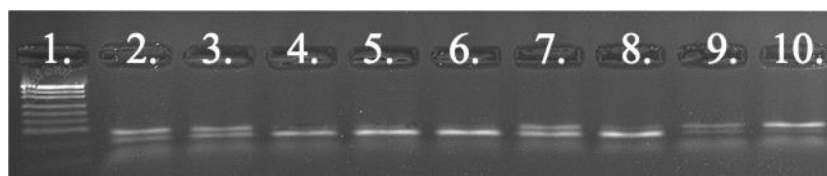
## 5.2. Analiza polimorfizmu genu *ACTN3* metodami opartymi na PCR

Poprzez zastosowanie metod PCR-RFLP oraz ACRS-PCR oznaczono genotypy wszystkich analizowanych osobników. Dla SNP2 zastosowano parę starterów zaprojektowanych za pomocą programu Primer3 i OligoCalc. W przypadku zmian SNP1, SNP3 i SNP4 konieczne było zastosowanie techniki ACRS-PCR ze względu na przecinanie sekwencji w kilku miejscach lub niespecyficzność enzymów. Analiza pozwoliła na identyfikację trzech genotypów dla wszystkich polimorficznych miejsc. W Tabeli 11 zamieszczono informację odnośnie długości rozdzielanych fragmentów oraz stężenia żelu agarozowego dla każdego z analizowanych wariantów.

Tabela 11. Długości poszczególnych fragmentów restrykcyjnych oraz stężenia żeli agarozowych użytych do analizy polimorfizmów

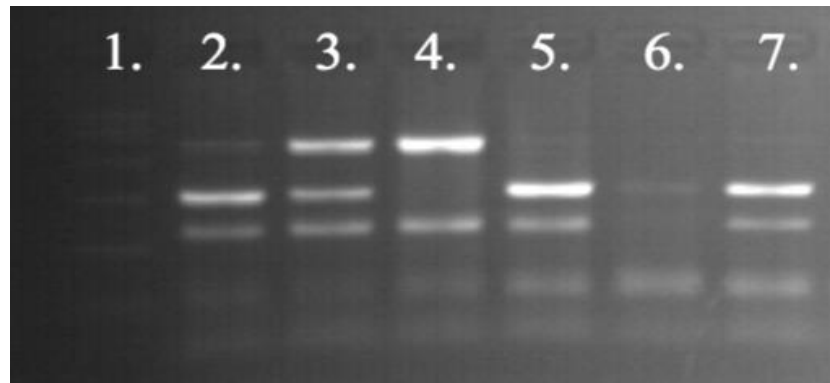
SNP	Długości fragmentów restrykcyjnych [pz]	Stężenie żelu agarozowego [%]
SNP1	114, 90, 24	3,0
SNP2	604, 303, 301, 180, 11, 1	2,0
SNP3	193, 170, 23	3,0
SNP4	126, 87, 39	2,5

W przypadku polimorfizmu w pozycji 2:5874008 (SNP1) w wyniku trawienia enzymem restrykcyjnym *MboI* identyfikowano następujące genotypy: *CC* (90 i 24 pz), *CT* (114, 90 i 24 pz) oraz *TT* (114 pz). Przykładowy wynik genotypowania tego polimorfizmu przedstawia Rycina 13.



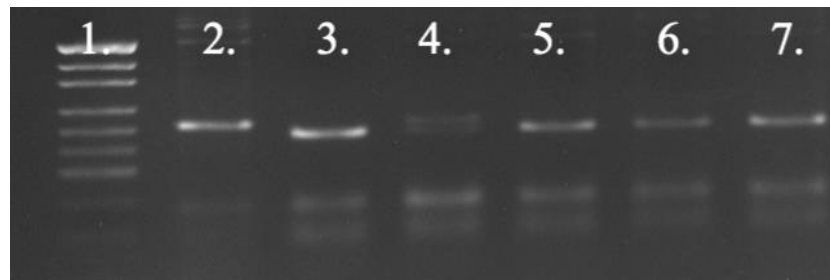
Rycina 13. Przykładowy rozdział elektroforetyczny po trawieniu enzymem restrykcyjnym *MboI* w celu identyfikacji polimorfizmu SNP1 genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/*MspI* (*Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*); ścieżki 2, 3, 7 - genotyp *CT*, ścieżki 4, 5, 6, 8 - genotyp *CC*, ścieżka 10 - genotyp *TT*. Prążek o dł. 24 pz jest zbyt krótki i słabo widoczny na żelu

Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2) identyfikowano na podstawie następujących długości fragmentów restrykcyjnych: genotyp *CC* (303, 301, 180, 11 oraz 1 pz), genotyp *CT* (604, 303, 301, 180, 11 oraz 1 pz) oraz *TT* (604, 180, 11 i 1 pz). Przykładowy wynik genotypowania SNP2 genu *ACTN3* przedstawia Rycina 14.



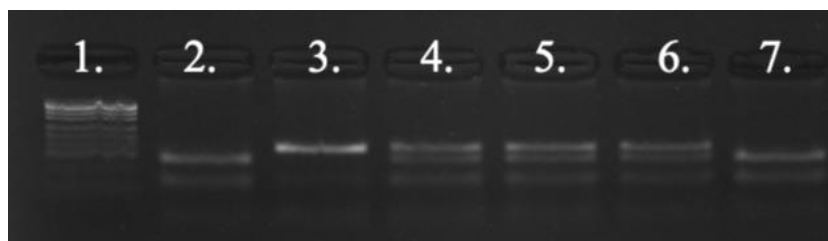
Rycina 14. Przykładowy rozdział elektroforetyczny po trawieniu enzymem restrykcyjnym *EcoO109I* dla polimorfizmu SNP2 w genie *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA BenchTop PCR Markers (*Promega, Stany Zjednoczone*); ścieżki 2, 5, 6, 7 - genotyp *CC*, ścieżka 3 - genotyp *CT*, ścieżka 4 - genotyp *TT*. Prążki 11 i 1 pz mają zbyt małą długość i nie są widoczne na żelu, prążki o długościach 303 i 301pz są widoczne jako jeden prążek

Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3) określano w wyniku trawienia enzymem restrykcyjnym *EcoRV* na podstawie następujących długości prążków: genotyp *CC* - 170, 23 pz; genotyp *CA* (193,170 i 23) oraz genotyp *AA* (193 pz). Przykładowy wynik genotypowania SNP3 w genie *ACTN3* u świń przedstawia Rycina 15.



Rycina 15. Przykładowy rozdział elektroforetyczny produktów po trawieniu enzymem restrykcyjnym *EcoRV* dla polimorfizmu SNP3 genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/*MspI* (*Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*); ścieżka 2 - genotyp *AA*, ścieżki 3,5,6,7 - genotyp *CC*, a ścieżka 4 - genotyp *CA*. Prążek 23 pz ma zbyt małą długość i jest słabiej widoczny na żelu

Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) identyfikowano w wyniku trawienia enzymem restrykcyjnym *Eco57I* na podstawie następujących długości fragmentów restrykcyjnych: genotyp *AA* (87 i 39 pz), genotyp *AT* (126, 87 i 39 pz) oraz genotyp *TT* (126 pz). Przykładowy wynik genotypowania SNP4 genu *ACTN3* przedstawia Rycina 16.



Rycina 16. Przykładowy rozdział elektroforetyczny produktów po trawieniu enzymem restrykcyjnym *Eco57I* dla polimorfizmu SNP4 genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/*MspI* (*Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*); ścieżki 2, 7 - genotyp *AA*, ścieżka 3 - genotyp *TT*, a ścieżki 4, 5, 6 - genotyp *CT*. Prążek 39 pz jest dość krótki i słabiej widoczny na żelu

### 5.2.1. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5874008 (SNP1)

Zaprojektowany test oparty na metodzie PCR-RFLP pozwolił na identyfikację wszystkich genotypów. W przypadku rasy wbp najczęściej występującym był genotyp homozygotyczny *CC* (0.57). Heterozygoty *CT* stanowiły 0.32 badanej rasy, zaś homozygoty *TT* - 0.11. Podobną frekwencję zaobserwowano w przypadku rasy pbz (genotyp *CC* - 0.61, genotyp *CT* - 0.29, genotyp *TT* - 0.10). Wśród osobników rasy puławska zidentyfikowano natomiast 0.46 genotypów homozygotycznych *CC*, 0.49 heterozygot *CT* oraz 0.05 genotypu homozygotycznego *TT*. We wszystkich rasach najczęściej występującym allele był allele *C* (wbp - 0.75, pbz - 0.76, puławska - 0.70). Żadna z ras nie znajdowała się w stanie równowagi Hardy-Weinberga (Tabela 12).

Tabela 12. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP1

Rasa	Genotypy			Allele		HWE	
	<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	$\chi^2$	<b>p</b>
wbp	0.57 (117)	0.32 (66)	0.11 (23)	0.73	0.27	7.49	0.01
pbz	0.61 (130)	0.29 (61)	0.10 (22)	0.76	0.24	11.17	0.00
puławska	0.46 (73)	0.49 (78)	0.05 (8)	0.70	0.30	5.04	0.02

W nawiasach przedstawiono liczebność osobników w poszczególnych grupach; HWE - równowaga Hardy'ego-Weinberga.

### 5.2.2. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873971 (SNP2)

W przypadku analizy polimorfizmu SNP2 u rasy wbp najczęściej występującym genotypem był genotyp heterozygotyczny *CT* (0.47), nieco rzadziej zaobserwowano genotyp homozygotyczny *CC* (0.39). Najrzadziej występującym genotypem wśród tej rasy był genotyp homozygotyczny *TT* (0.14). Częstość genotypów w przypadku ras pbz i puławska były zbliżone, najczęściej występował genotyp homozygotyczny *CC* (pbz - 0.64 i puławska - 0.60), genotyp heterozygotyczny *CT* występował z częstością 0.31 u rasy pbz i 0.34 u rasy puławskiej. Najrzadziej zaobserwowano genotyp homozygotyczny *TT* (pbz - 0.05, puławska - 0.06). Wśród wszystkich ras świń znacznie częstszym allelem był allel *C* (wbp - 0.63, pbz - 0.80, puławska - 0.77). Wykazano, że wszystkie rasy znajdowały się w stanie równowagi Hardy-Weinberga (Tabela 13).

Tabela 13. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP2

Rasa	Genotypy			Allele		HWE	
	<i>CC</i>	<i>CT</i>	<i>TT</i>	<i>C</i>	<i>T</i>	$\chi^2$	<b>p</b>
wbp	0.39 (80)	0.47 (97)	0.14 (29)	0.63	0.37	0,00	0.96
pbz	0.64 (137)	0.31 (66)	0.05 (10)	0.80	0.20	0.31	0.57
puławska	0.60 (95)	0.34 (55)	0.06 (9)	0.77	0.23	0.08	0.78

W nawiasach przedstawiono liczebność osobników w poszczególnych grupach; HWE - równowaga Hardy'ego-Weinberga.

### 5.2.3. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Analiza polimorfizmu SNP3 wykazała, iż u rasy wbp najczęściej występującym genotypem był genotyp heterozygotyczny *CA* (0.55), a frekwencja genotypu homozygotycznego *CC* wyniosła 0.33. Najrzadziej występującym genotypem wśród tej rasy był genotyp homozygotyczny *AA* (0.12). W przypadku rasy pbz najczęstszym zaobserwowanym genotypem był również genotyp heterozygotyczny - 0.47. Nieco rzadziej występował genotyp homozygotyczny *CC* - 0.41. Najrzadszym genotypem był również genotyp homozygotyczny *AA* (0.12). U rasy puławskiej zaobserwowano, że najczęściej występującym genotypem był *CC* (0.50), a genotyp heterozygotyczny występował z częstością 0.42. Najrzadziej występującym genotypem, tak jak w przypadku pozostałych ras był genotyp homozygotyczny *AA* (0.8). Wśród wszystkich ras świń częstszym allelem był allel *C* (wbp - 0.60, pbz - 0.64, puławska - 0.71). Wykazano również, że rasy pbz oraz

puławska znajdowały się w stanie równowagi Hardy-Weinberga, natomiast wbp nie (Tabela 14).

Tabela 14. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP3

Rasa	Genotypy			Allele		HWE	
	AA	CA	CC	A	C	$\chi^2$	p
wbp	0.12 (24)	0.55 (113)	0.33 (69)	0.40	0.60	4.76	0.03
pbz	0.12 (26)	0.47 (100)	0.41 (87)	0.36	0.64	0.11	0.74
puławska	0.08 (13)	0.42 (66)	0.50 (80)	0.29	0.71	0.01	0.91

W nawiasach przedstawiono liczebność osobników w poszczególnych grupach; HWE – równowaga Hardy'ego-Weinberga.

#### 5.2.4. Parametry populacyjne dla polimorfizmu w pozycji 2:5873644 (SNP4)

Na podstawie analizy polimorfizmu SNP4 wykazano, że najczęściej występującym wśród wszystkich ras był genotyp homozygotyczny AA (wbp - 0.40, pbz - 0.55, puławska - 0.40). Z kolei najrzadziej występującym genotypem była heterozygota AT (wbp - 0.27, pbz - 0.15, puławska - 0.30). U rasy puławskiej genotyp homozygotyczny TT występował również rzadko jak genotyp heterozygotyczny (0.30). Wśród wszystkich ras świń częstszym allelem był allel A (wbp - 0.54, pbz - 0.63, puławska - 0.55). Żadna z populacji reprezentujących analizowane rasy nie znajdowała się w stanie równowagi Hardy'ego-Weinberga (Tabela 15).

Tabela 15. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP4

Rasa	Genotypy			Allele		HWE	
	AA	AT	TT	A	T	$\chi^2$	p
wbp	0.40(83)	0.27(55)	0.33(68)	0.54	0.46	44.19	0.00
pbz	0.55(118)	0.15(32)	0.30(63)	0.63	0.37	97.93	0.00
puławska	0.40 (64)	0.30 (47)	0.30 (48)	0.55	0.45	25.79	0.00

W nawiasach przedstawiono liczebność osobników w poszczególnych grupach; HWE – równowaga Hardy'ego-Weinberga.

### 5.3. Analiza związku badanych wariantów genu ACTN3 z cechami tucznymi świń

#### 5.3.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)

W badaniach wykazano istotny ( $p \leq 0,05$ ) wpływ polimorfizmu SNP1 na przyrost dzienny w teście, przyrost życiowy, wiek uboju oraz długość tuczu kontrolnego (Tabela 16).

U ras wbp i pbz odnotowano najwyższy przyrost dzienny w teście dla zwierząt homozygotycznych *TT*, który wynosił odpowiednio  $919 \pm 20.03$  i  $940 \pm 25.86$  g/dzień. Rasa wbp charakteryzowała się najniższym przyrostem dla świní heterozygotycznych ( $880 \pm 13.76$ ), zaś u rasy pbz był to genotyp homozygotyczny *CC* ( $897 \pm 15.40$  g). Przy analizie całej populacji najwyższym przyrostem charakteryzowały się świnie o genotypie *TT* a najniższym o genotypie *CC*.

Analiza parametru przyrostu życiowego i wieku uboju wykazała istoty wpływ polimorfizmu u rasy puławskiej. Najwyższym przyrostem życiowym odznaczały się świnie o genotypie homozygotycznym *TT* -  $583 \pm 19.21$  g, najniższym heterozygoty *CT* -  $556 \pm 6.153$  g. Najdłuższym wiekiem uboju charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC* ( $180.4 \pm 2.08$  dni), a najkrótszym homozygotyczne *TT* ( $172 \pm 3.29$ ).

Parametr długości tuczu kontrolnego był istotnie powiązany z polimorfizmem u każdej rasy. Wykazano, że osobniki o genotypie homozygotycznym *CC* odznaczały się najdłuższym tuczem kontrolnym, zaś najkrótszym osobniki homozygotyczne *TT*. Przy analizie całej populacji zauważono taką samą zależność.

Tabela 16. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na cechy tuczne świní (LSM  $\pm$  SE)

Cechy tuczne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Przyrost dzienny w teście (g)	<i>CC</i>	$891 \pm 10.51^a$	$897 \pm 15.40^a$	$801 \pm 11.95$	$859 \pm 8.560^a$
	<i>CT</i>	$880 \pm 13.76^a$	$899 \pm 17.48^a$	$804 \pm 11.57$	$861 \pm 9.802^{ab}$
	<i>TT</i>	$919 \pm 20.03^b$	$940 \pm 25.86^b$	$808 \pm 36.11$	$889 \pm 15.27^b$
Przyrost życiowy (g)	<i>CC</i>	$592 \pm 5.915$	$593 \pm 10.13$	$558 \pm 6.360^a$	$574 \pm 5.128$
	<i>CT</i>	$584 \pm 7.744$	$605 \pm 11.50$	$556 \pm 6.153^a$	$576 \pm 5.872$
	<i>TT</i>	$575 \pm 11.27$	$611 \pm 17.01$	$583 \pm 19.21^b$	$577 \pm 9.147$
Zużycie paszy na kg przyrostu (kg)	<i>CC</i>	$2.695 \pm 0.022$	$2.611 \pm 0.033$	$2.896 \pm 0.029$	$2.718 \pm 0.019$
	<i>CT</i>	$2.693 \pm 0.028$	$2.585 \pm 0.038$	$2.877 \pm 0.028$	$2.700 \pm 0.022$
	<i>TT</i>	$2.677 \pm 0.041$	$2.622 \pm 0.056$	$2.794 \pm 0.088$	$2.705 \pm 0.034$
Dzienne pobranie paszy (kg)	<i>CC</i>	$2.392 \pm 0.026$	$2.333 \pm 0.036$	$2.309 \pm 0.029$	$2.319 \pm 0.021$
	<i>CT</i>	$2.360 \pm 0.034$	$2.321 \pm 0.041$	$2.327 \pm 0.028$	$2.308 \pm 0.024$
	<i>TT</i>	$2.437 \pm 0.050$	$2.458 \pm 0.060$	$2.250 \pm 0.088$	$2.383 \pm 0.037$
Wiek uboju (dni)	<i>CC</i>	$176 \pm 1.721$	$178 \pm 3.082$	$180.4 \pm 2.08^a$	$182 \pm 1.571$
	<i>CT</i>	$179 \pm 2.253$	$173 \pm 3.499$	$182 \pm 2.01^a$	$182 \pm 1.799$
	<i>TT</i>	$182 \pm 3.279$	$172 \pm 5.175$	$172 \pm 3.29^b$	$181 \pm 2.802$
Długość tuczu kontrolnego (dni)	<i>CC</i>	$84.75 \pm 0.953^a$	$83.76 \pm 1.48^a$	$87.78 \pm 1.08^a$	$86.33 \pm .0799^a$
	<i>CT</i>	$83.90 \pm 1.240^a$	$83.30 \pm 1.69^a$	$87.49 \pm 1.05^a$	$86.30 \pm 0.914^a$
	<i>TT</i>	$81.62 \pm 1.817^b$	$79.42 \pm 2.49^b$	$82.63 \pm 2.28^b$	$83.85 \pm 1.424^b$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

### 5.3.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

Analiza polimorfizmu SNP2 na cechy tuczne świń wykazała istotny wpływ ( $p \leq 0,05$ ) na takie cechy jak: przyrost dzienny w teście, zużycie paszy na kg przyrostu oraz wiek uboju (Tabela 17).

U rasy puławskiej odnotowano najwyższy przyrost dzienny osobników o genotypie homozygotycznym *CC* ( $814 \pm 10.46$  g/dzień), a najniższy dla osobników homozygotycznych *TT* ( $786 \pm 33.99$  g/dzień).

Parametr zużycia paszy na kg przyrostu był istotnie powiązany z polimorfizmem u każdej z ras oraz w całej populacji. Najwyższym zużyciem paszy odznaczały się u rasy wbp osobniki heterozygotyczne *CT*, u pbz homozygotyczne *CC* zaś u puławskiej homozygotyczne *TT*. Najniższym zużyciem paszy na kg przyrostu charakteryzowały się homozygoty *TT* u ras wbp i pbz, a u świń rasy puławskiej osobniki z genotypem heterozygotycznym *CT*. Analiza całej populacji wykazała najwyższe zużycie paszy na kg przyrostu u osobników heterozygotycznych *CT* ( $2.716 \pm 0.020$ ), a najniższe u osobników homozygotycznych *TT* ( $2.606 \pm 0.037$ ).

Tabela 17. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na cechy tuczne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy tuczne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Przyrost dzienny w teście (g)	<i>CC</i>	896 $\pm$ 12.11	901 $\pm$ 16.14	814 $\pm$ 10.46 <sup>a</sup>	865 $\pm$ 9.007
	<i>CT</i>	890 $\pm$ 11.53	902 $\pm$ 16.52	800 $\pm$ 13.75 <sup>ab</sup>	861 $\pm$ 9.167
	<i>TT</i>	886 $\pm$ 19.19	910 $\pm$ 36.29	786 $\pm$ 33.99 <sup>b</sup>	860 $\pm$ 16.40
Przyrost życiowy (g)	<i>CC</i>	591 $\pm$ 6.798	597 $\pm$ 10.57	559 $\pm$ 5.605	575 $\pm$ 5.373
	<i>CT</i>	584 $\pm$ 6.474	603 $\pm$ 10.82	558 $\pm$ 7.366	576 $\pm$ 5.473
	<i>TT</i>	590 $\pm$ 10.78	587 $\pm$ 23.78	553 $\pm$ 18.21	575 $\pm$ 9.792
Zużycie paszy na kg przyrostu (kg)	<i>CC</i>	2.690 $\pm$ 0.024 <sup>a</sup>	2.609 $\pm$ 0.035 <sup>a</sup>	2.814 $\pm$ 0.026 <sup>a</sup>	2.712 $\pm$ 0.020 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	2.709 $\pm$ 0.023 <sup>a</sup>	2.600 $\pm$ 0.036 <sup>a</sup>	2.809 $\pm$ 0.034 <sup>a</sup>	2.716 $\pm$ 0.020 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	2.604 $\pm$ 0.039 <sup>b</sup>	2.575 $\pm$ 0.080 <sup>b</sup>	2.953 $\pm$ 0.083 <sup>b</sup>	2.606 $\pm$ 0.037 <sup>b</sup>
Dzienne pobranie paszy (kg)	<i>CC</i>	2.398 $\pm$ 0.030	2.341 $\pm$ 0.038	2.319 $\pm$ 0.026	2.328 $\pm$ 0.022
	<i>CT</i>	2.398 $\pm$ 0.028	2.340 $\pm$ 0.039	2.308 $\pm$ 0.034	2.323 $\pm$ 0.022
	<i>TT</i>	2.317 $\pm$ 0.047	2.336 $\pm$ 0.085	2.309 $\pm$ 0.083	2.274 $\pm$ 0.040
Wiek uboju (dni)	<i>CC</i>	176 $\pm$ 1.979	176 $\pm$ 3.224 <sup>a</sup>	181 $\pm$ 1.840	182 $\pm$ 1.648
	<i>CT</i>	179 $\pm$ 1.885	175 $\pm$ 3.302 <sup>a</sup>	180 $\pm$ 2.418	182 $\pm$ 1.677
	<i>TT</i>	177 $\pm$ 3.138	181 $\pm$ 7.252 <sup>b</sup>	181 $\pm$ 5.978	182 $\pm$ 3.000
Długość tuczu kontrolnego (dni)	<i>CC</i>	82.62 $\pm$ 1.096	82.81 $\pm$ 1.561	87.33 $\pm$ .953	85.88 $\pm$ 0.840
	<i>CT</i>	83.71 $\pm$ 1.044	82.93 $\pm$ 1.598	87.85 $\pm$ 1.252	86.24 $\pm$ 0.854
	<i>TT</i>	84.00 $\pm$ 1.738	82.35 $\pm$ 3.511	88.56 $\pm$ 3.095	86.36 $\pm$ 1.529

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)



Polimorfizm rs3470106093 istotnie korelował z parametrem wieku uboju u rasy pbz. Najdłuższy wiek uboju osiągnęły osobniki homozygotyczne *TT* ( $181 \pm 7.252$  dni), a najkrótszy heterozygoty *CT* ( $175 \pm 3.302$ ).

### 5.3.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

W badaniach wykazano istotny ( $p \leq 0,05$ ) wpływ polimorfizmu u rasy wbp na przyrost życiowy, zużycie paszy na kg przyrostu i wiek uboju (Tabela 18).

Najwyższym przyrostem życiowym charakteryzowały się osobniki o genotypie *AA* i *AC* (odpowiednio  $594 \pm 11.09$  i  $594 \pm 6.123$ ) a najniższym o genotypie *CC* ( $576 \pm 7.210$ ).

Największym zużyciem paszy na kg przyrostu wykazały osobniki homozygotyczne *CC* ( $2.721 \pm 0.026$ ), a najniższe osobniki homozygotyczne *AA* ( $2.629 \pm 0.040$ ).

Najdłuższy czas oboju wykazały świnię o genotypie homozygotycznym *CC* ( $181 \pm 2.106$ ) a najkrótszy o genotypach *AA* i *AC* ( $176 \pm 3.238$  i  $176 \pm 1.788$ ).

Tabela 18. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na cechy tuczne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy tuczne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Przyrost dzienny w teście (g)	<i>AA</i>	$878 \pm 19.93$	$896 \pm 23.75$	$784 \pm 28.20$	$848 \pm 14.15$
	<i>AC</i>	$898 \pm 11.01$	$908 \pm 16.18$	$804 \pm 12.51$	$860 \pm 9.088$
	<i>CC</i>	$888 \pm 12.96$	$887 \pm 16.20$	$816 \pm 11.37$	$859 \pm 9.186$
Przyrost życiowy (g)	<i>AA</i>	$594 \pm 11.09^a$	$595 \pm 15.67$	$544 \pm 15.11$	$573 \pm 8.441$
	<i>AC</i>	$594 \pm 6.123^a$	$606 \pm 10.67$	$560 \pm 6.705$	$580 \pm 5.422$
	<i>CC</i>	$576 \pm 7.210^b$	$594 \pm 10.69$	$559 \pm 6.090$	$570 \pm 5.481$
Zużycie paszy na kg przyrostu (kg)	<i>AA</i>	$2.629 \pm 0.040^a$	$2.587 \pm 0.051$	$2.962 \pm 0.069$	$2.695 \pm 0.032$
	<i>AC</i>	$2.689 \pm 0.022^{ab}$	$2.589 \pm 0.035$	$2.874 \pm 0.031$	$2.703 \pm 0.020$
	<i>CC</i>	$2.721 \pm 0.026^b$	$2.622 \pm 0.035$	$2.874 \pm 0.028$	$2.723 \pm 0.021$
Dzienne pobranie paszy (kg)	<i>AA</i>	$2.299 \pm 0.049$	$2.311 \pm 0.056$	$2.278 \pm 0.069$	$2.267 \pm 0.034$
	<i>AC</i>	$2.405 \pm 0.027$	$2.376 \pm 0.038$	$2.301 \pm 0.031$	$2.338 \pm 0.022$
	<i>CC</i>	$2.399 \pm 0.032$	$2.315 \pm 0.038$	$2.332 \pm 0.028$	$2.322 \pm 0.022$
Wiek uboju (dni)	<i>AA</i>	$176 \pm 3.238^a$	$177 \pm 4.780$	$183 \pm 4.970$	$182 \pm 2.587$
	<i>AC</i>	$176 \pm 1.788^a$	$174 \pm 3.256$	$180 \pm 2.206$	$181 \pm 1.662$
	<i>CC</i>	$181 \pm 2.106^b$	$177 \pm 3.260$	$180 \pm 2.003$	$183 \pm 1.680$
Długość tuczu kontrolnego (dni)	<i>AA</i>	$84.92 \pm 1.803$	$83.87 \pm 2.303$	$88.05 \pm 2.567$	$87.55 \pm 1.319$
	<i>AC</i>	$82.54 \pm 0.996$	$81.42 \pm 1.569$	$87.91 \pm 1.139$	$85.35 \pm 0.847$
	<i>CC</i>	$83.83 \pm 1.173$	$83.89 \pm 1.571$	$86.94 \pm 1.035$	$86.38 \pm 0.856$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

### 5.3.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)

W przeprowadzonych badaniach stwierdzono istotny ( $p \leq 0,05$ ) wpływ polimorfizmu SNP4 na cechy tuczne takie jak: przyrost dzienny w teście, przyrost życiowy, dzienne pobranie paszy, wiek uboju i długość tuczu kontrolnego (Tabela 19).

U rasy wbp zaobserwowano, iż osobniki homozygotyczne AA charakteryzowały się najwyższym dziennym przyrostem w teście ( $913 \pm 12.33$  g), zaś osobniki homozygotyczne TT najniższym ( $870 \pm 12.54$  g). Tą samą zależność zauważono w analizie całej populacji. U rasy wbp potwierdzono również istotny wpływ polimorfizmu na dzienne pobranie paszy. Najwyższym dziennym pobraniem paszy charakteryzowały się osobniki homozygotyczne AA ( $2.435 \pm 0.031$  kg), a najniższym homozygotyczne TT ( $2.331 \pm 0.031$  kg).

U rasy puławskiej stwierdzono zależność między badanym polimorfizmem a przyrostem życiowym - największym przyrostem odznaczały się osobniki homozygotyczne AA ( $578 \pm 6.740$  g), a najmniejszym heterozygotyczne AT ( $547 \pm 7.865$  g).

Tabela 19. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na cechy tuczne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy tuczne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Przyrost dzienny w teście (g)	AA	$913 \pm 12.33^a$	$900 \pm 15.33$	$817 \pm 12.73$	$871 \pm 9.168^a$
	AT	$884 \pm 13.73^b$	$897 \pm 21.81$	$794 \pm 14.86$	$856 \pm 10.82^b$
	TT	$870 \pm 12.54^b$	$909 \pm 18.74$	$808 \pm 14.70$	$856 \pm 9.917^b$
Przyrost życiowy (g)	AA	$591 \pm 7.052$	$595 \pm 10.03$	$578 \pm 6.740^a$	$577 \pm 5.485$
	AT	$591 \pm 7.852$	$612 \pm 14.26$	$547 \pm 7.865^b$	$575 \pm 6.470$
	TT	$582 \pm 7.173$	$599 \pm 12.26$	$556 \pm 7.783^b$	$572 \pm 5.933$
Zużycie paszy na kg przyrostu (kg)	AA	$2.685 \pm 0.026$	$2.593 \pm 0.033$	$2.864 \pm 0.031$	$2.698 \pm 0.020$
	AT	$2.702 \pm 0.028$	$2.670 \pm 0.046$	$2.906 \pm 0.036$	$2.742 \pm 0.024$
	TT	$2.691 \pm 0.026$	$2.571 \pm 0.040$	$2.880 \pm 0.036$	$2.703 \pm 0.022$
Dzienne pobranie paszy (kg)	AA	$2.435 \pm 0.031^a$	$2.327 \pm 0.036$	$2.329 \pm 0.031$	$2.333 \pm 0.022$
	AT	$2.426 \pm 0.034^a$	$2.386 \pm 0.051$	$2.297 \pm 0.036$	$2.332 \pm 0.026$
	TT	$2.331 \pm 0.031^b$	$2.334 \pm 0.044$	$2.313 \pm 0.036$	$2.299 \pm 0.024$
Wiek uboju (dni)	AA	$174 \pm 2.055^a$	$177 \pm 3.062$	$177 \pm 2.206^a$	$181 \pm 1.679$
	AT	$176 \pm 2.288^a$	$174 \pm 4.355$	$185 \pm 2.575^b$	$182 \pm 1.981$
	TT	$179 \pm 2.090^b$	$176 \pm 3.742$	$183 \pm 2.548^b$	$183 \pm 1.817$
Długość tuczu kontrolnego (dni)	AA	$81.34 \pm 1.11^a$	$82.95 \pm 1.483$	$85.08 \pm 1.15^a$	$85.25 \pm 0.854$
	AT	$83.01 \pm 1.24^a$	$83.39 \pm 2.109$	$89.00 \pm 1.34^b$	$86.70 \pm 1.008$
	TT	$85.42 \pm 1.13^b$	$82.08 \pm 1.812$	$88.65 \pm 1.33^b$	$86.68 \pm 0.924$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (ab)

Parametr wieku uboju istotnie korelował z polimorfizmem u ras wbp oraz puławska. Najdłuższym czasem uboju (dni) u wbp charakteryzowały się osobniki homozygotyczne TT, a u rasy puławskiej heterozygotyczne AT. U obu tych ras najkrótszy czas uboju zauważono

u osobników homozygotycznych AA. Taką samą zależność odnotowano u wspomnianych ras przy analizie długości tuczu kontrolnego.

#### **5.4. Analiza związku badanych wariantów genu *ACTN3* z cechami rzeźnymi świń**

##### **5.4.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)**

Analizowany polimorfizm istotnie ( $p \leq 0.05$ ) wpływał na masę polędwicy, masę polędwicy bez skóry i słoniny, średnią grubość słoniny z 5 pomiarów, wysokość oka polędwicy, zawartość mięsa w tuszy oraz masę mięsa wyrębów podstawowych (Tabela 20).

U rasy wbp, puławskiej oraz u osobników wszystkich ras analizowanych łącznie odnotowano najwyższą masę polędwicy u osobników homozygotycznych *TT*, zaś najniższą u osobników homozygotycznych *CC* (rasa wbp i cała populacja) i heterozygotycznych *CT* (rasa puławska).

Największą wartość parametru masa polędwicy bez skóry i słoniny u ras wbp i puławska stwierdzono dla osobników homozygotycznych *TT* a najniższą u osobników heterozygotycznych *CT* rasy wbp i homozygotycznych *CC* rasy puławskiej.

Istotny związek badanego polimorfizmu z średnią grubością słoniny z 5 pomiarów odnotowano u rasy pbz i puławskiej. U rasy pbz najwyższą wartość tego parametru odnotowano u osobników homozygotycznych *CC* ( $1.433 \pm 0.045$  cm), najniższą zaś u homozygot *TT* ( $1.346 \pm 0.069$  cm). Świnie rasy puławskiej charakteryzowały się taką samą zależnością ( $1.649 \pm 0.049$  cm i  $1.431 \pm 0.149$  cm).

U świń rasy pbz zauważono istotną zależność między badanym polimorfizmem a cechami takimi jak: wysokość oka polędwicy, zawartość mięsa w tuszy oraz masa mięsa wyrębów podstawowych. Największą wartość dla wysokości oka polędwicy zauważono u osobników homozygotycznych *TT* ( $6.849 \pm 0.112$  cm), najniższą u homozygotycznych *CC* ( $6.729 \pm 0.084$  cm). Osobniki homozygotyczne *TT* charakteryzowały się najwyższą zawartością mięsa w tuszy ( $62.05 \pm 0.669$  %), zaś najniższą heterozygotyczne *CT* ( $60.87 \pm 0.464$  %). Najwyższą masę mięsa wyrębów podstawowych zauważono u świń homozygotycznych *CC*, zaś w całej analizowanej populacji u homozygotycznych *TT*. Najniższą wartość tego parametru odnotowano u osobników homozygotycznych *TT* (rasa pbz) oraz u osobników homozygotycznych *CC* (cała populacja).

Ostatnim skorelowanym parametrem z analizowanym polimorfizmem jest powierzchnia oka polędwicy. Zależność tą zaobserwowano u rasy puławskiej. Najwyższą

wartość stwierdzono dla osobników homozygotycznych *TT* ( $54.04 \pm 1.852$ ), a najniższą u homozygotycznych *CC* ( $51.85 \pm 0.612$ ).

Tabela 20. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na cechy rzeźne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy rzeźne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Wydajność rzeźna (%)	<i>CC</i>	76.37 $\pm$ 0.113	75.92 $\pm$ 0.127	75.61 $\pm$ 0.106	75.80 $\pm$ 0.080
	<i>CT</i>	76.64 $\pm$ 0.154	75.73 $\pm$ 0.134	75.80 $\pm$ 0.103	75.86 $\pm$ 0.091
	<i>TT</i>	76.39 $\pm$ 0.218	76.12 $\pm$ 0.193	75.35 $\pm$ 0.322	75.82 $\pm$ 0.138
Masa połędwicy (kg)	<i>CC</i>	7.809 $\pm$ 0.063 <sup>a</sup>	7.872 $\pm$ 0.079	7.037 $\pm$ 0.067 <sup>a</sup>	7.710 $\pm$ 0.047 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	7.843 $\pm$ 0.086 <sup>a</sup>	7.918 $\pm$ 0.084	7.026 $\pm$ 0.065 <sup>a</sup>	7.733 $\pm$ 0.054 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	8.042 $\pm$ 0.121 <sup>b</sup>	7.834 $\pm$ 0.120	7.389 $\pm$ 0.204 <sup>b</sup>	7.847 $\pm$ 0.082 <sup>b</sup>
Masa połędwicy bez skóry i słoniny (kg)	<i>CC</i>	6.221 $\pm$ 0.057 <sup>a</sup>	6.135 $\pm$ 0.095	5.421 $\pm$ 0.060 <sup>a</sup>	5.988 $\pm$ 0.048
	<i>CT</i>	6.210 $\pm$ 0.077 <sup>a</sup>	6.056 $\pm$ 0.101	5.452 $\pm$ 0.058 <sup>a</sup>	5.996 $\pm$ 0.054
	<i>TT</i>	6.371 $\pm$ 0.109 <sup>b</sup>	6.134 $\pm$ 0.145	5.695 $\pm$ 0.182 <sup>b</sup>	6.097 $\pm$ 0.082
Masa szynki bez słoniny i skóry (kg)	<i>CC</i>	9.054 $\pm$ 0.057	9.096 $\pm$ 0.087	8.914 $\pm$ 0.065	8.887 $\pm$ 0.047
	<i>CT</i>	9.157 $\pm$ 0.077	9.073 $\pm$ 0.092	8.886 $\pm$ 0.063	8.908 $\pm$ 0.054
	<i>TT</i>	9.060 $\pm$ 0.109	9.288 $\pm$ 0.133	8.809 $\pm$ 0.195	8.949 $\pm$ 0.082
Długość tuszy (cm)	<i>CC</i>	80.71 $\pm$ 0.486	81.39 $\pm$ 0.335	77.88 $\pm$ 0.250	80.43 $\pm$ 0.270
	<i>CT</i>	79.63 $\pm$ 0.663	81.44 $\pm$ 0.354	78.03 $\pm$ 0.242	80.17 $\pm$ 0.308
	<i>TT</i>	80.64 $\pm$ 0.937	80.78 $\pm$ 0.511	78.55 $\pm$ 0.756	80.40 $\pm$ 0.467
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów (cm)	<i>CC</i>	1.521 $\pm$ 0.032	1.433 $\pm$ 0.045 <sup>a</sup>	1.649 $\pm$ 0.049 <sup>a</sup>	1.610 $\pm$ 0.029
	<i>CT</i>	1.447 $\pm$ 0.043	1.440 $\pm$ 0.048 <sup>a</sup>	1.614 $\pm$ 0.048 <sup>a</sup>	1.578 $\pm$ 0.033
	<i>TT</i>	1.478 $\pm$ 0.061	1.346 $\pm$ 0.069 <sup>b</sup>	1.431 $\pm$ 0.149 <sup>b</sup>	1.554 $\pm$ 0.049
Szerokość oka połędwicy (cm)	<i>CC</i>	10.40 $\pm$ 0.104	10.70 $\pm$ 0.108	10.23 $\pm$ 0.087	10.58 $\pm$ 0.069
	<i>CT</i>	10.38 $\pm$ 0.141	10.63 $\pm$ 0.114	10.07 $\pm$ 0.084	10.58 $\pm$ 0.069
	<i>TT</i>	9.858 $\pm$ 0.200	10.67 $\pm$ 0.164	10.34 $\pm$ 0.264	10.33 $\pm$ 0.120
Wysokość oka połędwicy (cm)	<i>CC</i>	6.834 $\pm$ 0.069	6.729 $\pm$ 0.084 <sup>a</sup>	6.887 $\pm$ 0.069	6.799 $\pm$ 0.050
	<i>CT</i>	6.819 $\pm$ 0.094	6.752 $\pm$ 0.089 <sup>a</sup>	6.970 $\pm$ 0.067	6.814 $\pm$ 0.057
	<i>TT</i>	6.817 $\pm$ 0.133	6.849 $\pm$ 0.112 <sup>b</sup>	7.028 $\pm$ 0.209	6.852 $\pm$ 0.087
Powierzchnia oka połędwicy (cm <sup>2</sup> )	<i>CC</i>	54.08 $\pm$ 0.590	53.84 $\pm$ 0.756	51.85 $\pm$ 0.612 <sup>a</sup>	54.22 $\pm$ 0.444
	<i>CT</i>	54.32 $\pm$ 0.805	53.61 $\pm$ 0.799	51.98 $\pm$ 0.592 <sup>a</sup>	54.09 $\pm$ 0.508
	<i>TT</i>	52.55 $\pm$ 1.138	54.47 $\pm$ 1.151	54.04 $\pm$ 1.852 <sup>b</sup>	54.01 $\pm$ 0.769
Zawartość mięsa w tuszy (%)	<i>CC</i>	60.62 $\pm$ 0.291	61.08 $\pm$ 0.439 <sup>a</sup>	60.05 $\pm$ 0.392	60.09 $\pm$ 0.256
	<i>CT</i>	60.24 $\pm$ 0.397	60.87 $\pm$ 0.464 <sup>a</sup>	59.66 $\pm$ 0.380	60.05 $\pm$ 0.292
	<i>TT</i>	60.55 $\pm$ 0.561	62.05 $\pm$ 0.669 <sup>b</sup>	60.38 $\pm$ 1.187	60.43 $\pm$ 0.443
Masa mięsa wyrębów podstawowych (kg)	<i>CC</i>	23.77 $\pm$ 0.114	23.84 $\pm$ 0.173 <sup>a</sup>	22.83 $\pm$ 0.145	23.32 $\pm$ 0.098 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	23.82 $\pm$ 0.155	23.71 $\pm$ 0.183 <sup>a</sup>	22.72 $\pm$ 0.140	23.32 $\pm$ 0.112 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	23.74 $\pm$ 0.220	22.18 $\pm$ 0.264 <sup>b</sup>	22.93 $\pm$ 0.437	23.65 $\pm$ 0.129 <sup>b</sup>

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

#### 5.4.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

Badany polimorfizm u świń rasy puławskiej był istotnie ( $p \leq 0.05$ ) powiązany z następującymi parametrami rzeźnymi: masa polędwicy (również u rasy pbz), masa polędwicy bez skóry i słoniny, powierzchnia oka polędwicy i masa mięsa wyrębów podstawowych (Tabela 21).

Tabela 21. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na cechy rzeźne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy rzeźne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Wydajność rzeźna (%)	CC	76.47 $\pm$ 0.130	75.90 $\pm$ 0.127	75.64 $\pm$ 0.094	75.83 $\pm$ 0.083
	CT	76.43 $\pm$ 0.128	75.82 $\pm$ 0.131	75.75 $\pm$ 0.123	75.82 $\pm$ 0.086
	TT	76.31 $\pm$ 0.207	75.98 $\pm$ 0.275	75.90 $\pm$ 0.305	75.81 $\pm$ 0.149
Masa polędwicy (kg)	CC	7.950 $\pm$ 0.072 <sup>a</sup>	7.863 $\pm$ 0.078	7.151 $\pm$ 0.058 <sup>a</sup>	7.769 $\pm$ 0.049
	CT	7.932 $\pm$ 0.071 <sup>a</sup>	7.887 $\pm$ 0.081	6.980 $\pm$ 0.076 <sup>a</sup>	7.698 $\pm$ 0.051
	TT	7.809 $\pm$ 0.114 <sup>b</sup>	8.081 $\pm$ 0.169	6.703 $\pm$ 0.188 <sup>b</sup>	7.620 $\pm$ 0.088
Masa polędwicy bez skóry i słoniny (kg)	CC	6.280 $\pm$ 0.065	6.156 $\pm$ 0.094	5.532 $\pm$ 0.052 <sup>a</sup>	6.061 $\pm$ 0.049
	CT	6.258 $\pm$ 0.064	6.072 $\pm$ 0.097	5.355 $\pm$ 0.069 <sup>a</sup>	5.957 $\pm$ 0.051
	TT	6.187 $\pm$ 0.104	5.873 $\pm$ 0.203	5.157 $\pm$ 0.168 <sup>b</sup>	5.835 $\pm$ 0.088
Masa szynki bez słoniny i skóry (kg)	CC	9.068 $\pm$ 0.065	9.129 $\pm$ 0.087	8.940 $\pm$ 0.056	8.883 $\pm$ 0.049
	CT	9.101 $\pm$ 0.064	9.089 $\pm$ 0.090	8.969 $\pm$ 0.074	8.921 $\pm$ 0.051
	TT	9.026 $\pm$ 0.103	9.162 $\pm$ 0.189	9.024 $\pm$ 0.183	8.904 $\pm$ 0.089
Długość tuszy (cm)	CC	80.43 $\pm$ 0.559	81.16 $\pm$ 0.332	78.14 $\pm$ 0.219	80.36 $\pm$ 0.279
	CT	80.54 $\pm$ 0.550	81.53 $\pm$ 0.344	77.73 $\pm$ 0.288	80.37 $\pm$ 0.290
	TT	80.11 $\pm$ 0.890	81.28 $\pm$ 0.721	77.90 $\pm$ 0.710	80.05 $\pm$ 0.504
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów (cm)	CC	1.475 $\pm$ 0.037	1.391 $\pm$ 0.044	1.606 $\pm$ 0.043	1.566 $\pm$ 0.030
	CT	1.526 $\pm$ 0.036	1.472 $\pm$ 0.046	1.653 $\pm$ 0.057	1.627 $\pm$ 0.031
	TT	1.476 $\pm$ 0.058	1.468 $\pm$ 0.096	1.626 $\pm$ 0.141	1.590 $\pm$ 0.053
Szerokość oka polędwicy (cm)	CC	10.23 $\pm$ 0.120	10.67 $\pm$ 0.106	10.16 $\pm$ 0.077	10.49 $\pm$ 0.072
	CT	10.41 $\pm$ 0.118	10.63 $\pm$ 0.110	10.18 $\pm$ 0.101	10.55 $\pm$ 0.075
	TT	10.39 $\pm$ 0.191	10.92 $\pm$ 0.230	9.859 $\pm$ 0.249	10.57 $\pm$ 0.130
Wysokość oka polędwicy (cm)	CC	6.800 $\pm$ 0.079	6.805 $\pm$ 0.083	6.956 $\pm$ 0.061	6.826 $\pm$ 0.052
	CT	6.856 $\pm$ 0.077	6.780 $\pm$ 0.086	6.910 $\pm$ 0.080	6.788 $\pm$ 0.054
	TT	6.829 $\pm$ 0.125	6.890 $\pm$ 0.179	6.858 $\pm$ 0.197	6.821 $\pm$ 0.094
Powierzchnia oka polędwicy (cm <sup>2</sup> )	CC	53.44 $\pm$ 0.676	54.13 $\pm$ 0.736	52.17 $\pm$ 0.536 <sup>a</sup>	54.14 $\pm$ 0.460
	CT	54.37 $\pm$ 0.665	53.11 $\pm$ 0.762	52.12 $\pm$ 0.705 <sup>a</sup>	54.11 $\pm$ 0.478
	TT	54.19 $\pm$ 1.076	54.12 $\pm$ 1.599	49.19 $\pm$ 1.742 <sup>b</sup>	54.59 $\pm$ 0.829
Zawartość mięsa w tuszy (%)	CC	60.67 $\pm$ 0.334	61.39 $\pm$ 0.436	59.93 $\pm$ 0.345	60.19 $\pm$ 0.265
	CT	60.91 $\pm$ 0.328	60.93 $\pm$ 0.451	59.81 $\pm$ 0.453	60.07 $\pm$ 0.275
	TT	60.36 $\pm$ 0.532	61.09 $\pm$ 0.947	59.63 $\pm$ 1.120	59.78 $\pm$ 0.477
Masa mięsa wyrębów podstawowych (kg)	CC	23.79 $\pm$ 0.131	23.92 $\pm$ 0.172	22.79 $\pm$ 0.127 <sup>a</sup>	23.36 $\pm$ 0.101
	CT	23.89 $\pm$ 0.129	23.74 $\pm$ 0.178	22.78 $\pm$ 0.167 <sup>a</sup>	23.32 $\pm$ 0.105
	TT	23.69 $\pm$ 0.208	23.81 $\pm$ 0.373	22.45 $\pm$ 0.412 <sup>b</sup>	23.21 $\pm$ 0.183

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

Osobniki homozygotyczne *CC* charakteryzowały się najwyższą wartością masy polędwicy zarówno u rasy *pbz* jak i puławskiej. Najniższą wartość stwierdzono u homozygot *TT* również u obu tych ras.

Zauważono, że u rasy puławskiej dla cech takich jak masa polędwicy bez skóry i słoniny, powierzchnia oka polędwicy i masa mięsa wyrębów podstawowych najwyższe wartości odnotowano dla osobników homozygotycznych *CC*, zaś najniższe dla homozygotycznych *TT*.

#### 5.4.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Wśród badanych cech rzeźnych stwierdzono istotną zależność ( $p \leq 0.05$ ) pomiędzy polimorfizmem SNP3 a masą polędwicy bez skóry i słoniny wśród rasy *pbz* (Tabela 22).

Odnotowano, iż osobniki homozygotyczne *AA* charakteryzowały się najwyższą wartością tego parametru ( $6.202 \pm 0.141$  kg). Najniższą wartość stwierdzono u homozygot *CC* ( $6.010 \pm 0.094$ ).

Tabela 22. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na cechy rzeźne świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy rzeźne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Wydajność rzeźna (%)	AA	76.27 $\pm$ 0.217	75.78 $\pm$ .0190	75.95 $\pm$ 0.254	75.80 $\pm$ 0.131
	AC	76.49 $\pm$ 0.120	75.79 $\pm$ 0.128	75.64 $\pm$ 0.113	75.80 $\pm$ 0.085
	CC	76.41 $\pm$ 0.140	75.96 $\pm$ 0.127	75.69 $\pm$ 0.102	75.85 $\pm$ 0.085
Masa polędwicy (kg)	AA	7.789 $\pm$ 0.119	7.994 $\pm$ 0.117	6.999 $\pm$ 0.159	7.705 $\pm$ 0.078
	AC	8.002 $\pm$ 0.006	7.889 $\pm$ 0.079	6.947 $\pm$ 0.071	7.735 $\pm$ 0.050
	CC	7.861 $\pm$ 0.077	7.857 $\pm$ 0.078	7.042 $\pm$ 0.064	7.729 $\pm$ 0.050
Masa polędwicy bez skóry i słoniny (kg)	AA	6.180 $\pm$ 0.108	6.202 $\pm$ 0.141 <sup>a</sup>	5.438 $\pm$ 0.143	6.011 $\pm$ 0.078
	AC	6.301 $\pm$ 0.060	6.075 $\pm$ 0.096 <sup>b</sup>	5.429 $\pm$ 0.064	6.003 $\pm$ 0.051
	CC	6.226 $\pm$ 0.070	6.010 $\pm$ 0.094 <sup>b</sup>	5.469 $\pm$ 0.058	5.999 $\pm$ 0.050
Masa szynki bez słoniny i skóry (kg)	AA	9.053 $\pm$ 0.109	8.986 $\pm$ 0.130	8.856 $\pm$ 0.150	8.817 $\pm$ 0.077
	AC	9.089 $\pm$ 0.060	9.116 $\pm$ 0.088	9.030 $\pm$ 0.067	8.945 $\pm$ 0.050
	CC	9.089 $\pm$ 0.070	9.037 $\pm$ 0.087	8.790 $\pm$ 0.060	8.878 $\pm$ 0.050
Długość tuszy (cm)	AA	80.21 $\pm$ 0.933	80.80 $\pm$ 0.498	78.36 $\pm$ 0.593	80.12 $\pm$ 0.441
	AC	80.72 $\pm$ 0.517	81.51 $\pm$ 0.337	78.00 $\pm$ 0.263	80.53 $\pm$ 0.286
	CC	80.11 $\pm$ 0.601	81.28 $\pm$ 0.333	77.92 $\pm$ 0.239	80.21 $\pm$ 0.285
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów (cm)	AA	1.496 $\pm$ 0.061	1.440 $\pm$ 0.066	1.526 $\pm$ 0.117	1.615 $\pm$ 0.047
	AC	1.515 $\pm$ 0.034	1.450 $\pm$ 0.045	1.601 $\pm$ 0.052	1.601 $\pm$ 0.030
	CC	1.475 $\pm$ 0.039	1.389 $\pm$ 0.044	1.658 $\pm$ 0.047	1.582 $\pm$ 0.030
Szerokość oka polędwicy (cm)	AA	10.49 $\pm$ 0.200	10.86 $\pm$ 0.158 <sup>a</sup>	10.10 $\pm$ 0.208	10.46 $\pm$ 0.114
	AC	10.38 $\pm$ 0.111	10.67 $\pm$ 0.107 <sup>b</sup>	10.11 $\pm$ 0.092	10.53 $\pm$ 0.074
	CC	10.20 $\pm$ 0.129	10.73 $\pm$ 0.105 <sup>b</sup>	10.20 $\pm$ 0.084	10.53 $\pm$ 0.074
Wysokość oka polędwicy (cm)	AA	7.231 $\pm$ 0.131 <sup>a</sup>	6.933 $\pm$ 0.125 <sup>a</sup>	6.846 $\pm$ 0.164	6.931 $\pm$ 0.082
	AC	6.799 $\pm$ 0.072 <sup>b</sup>	6.716 $\pm$ 0.084 <sup>b</sup>	6.925 $\pm$ 0.073	6.786 $\pm$ 0.053
	CC	6.805 $\pm$ 0.084 <sup>b</sup>	6.739 $\pm$ 0.083 <sup>b</sup>	6.957 $\pm$ 0.066	6.802 $\pm$ 0.053

Powierzchnia oka polędwicy (cm <sup>2</sup> )	AA	55.83 ± 1.127 <sup>a</sup>	52.33 ± 1.117	51.20 ± 1.448	53.70 ± 0.727
	AC	53.87 ± 0.625 <sup>b</sup>	53.10 ± 0.755	51.98 ± 0.644	54.07 ± 0.470
	CC	53.58 ± 0.727 <sup>b</sup>	52.28 ± 0.746	52.35 ± 0.584	54.35 ± 0.470
Zawartość mięsa w tuszy (%)	AA	60.73 ± 0.558	60.98 ± 0.656	59.67 ± 0.928	59.76 ± 0.418
	AC	60.89 ± 0.310	61.13 ± 0.444	60.26 ± 0.412	60.28 ± 0.271
	CC	60.55 ± 0.360	61.33 ± 0.438	59.59 ± 0.374	60.04 ± 0.270
Masa mięsa wyrębów podstawowych (kg)	AA	23.80 ± 0.218	23.62 ± 0.259	22.67 ± 0.341	23.19 ± 0.160
	AC	23.89 ± 0.121	23.61 ± 0.175	22.74 ± 0.152	23.40 ± 0.104
	CC	23.74 ± 0.141	23.71 ± 0.173	22.66 ± 0.138	23.31 ± 0.103

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

#### 5.4.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)

Analiza polimorfizmu SNP4 wykazała istotny ( $p \leq 0.05$ ) wpływ na cechy rzeźne takie jak: średnia grubość słoniny z 5 pomiarów (wbp, pbz i cała populacja), szerokość oka polędwicy (pbz) wysokość oka polędwicy (wbp i cała populacja) oraz powierzchnia oka polędwicy (wbp) (Tabela 23).

U ras wbp i pbz największą średnią grubością słoniny z 5 pomiarów charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *AT* ( $1.564 \pm 0.042$  cm i  $1.583 \pm 0.058$  cm). Najmniejszą wartość tej cechy odnotowano u osobników homozygotycznych *AA* ( $1.405 \pm 0.037$  cm i  $1.424 \pm 0.042$  cm). Taką samą zależność potwierdzono przy analizie całej populacji.

Stwierdzono, że świnie homozygotyczne *TT* rasy pbz odznaczają się największą szerokością oka polędwicy ( $10.83 \pm 0.125$  cm), zaś homozygotyczne *AA* najmniejszą ( $10.64 \pm 0.102$  cm).

Wykazano, że polimorfizm koreluje też z wysokością oka polędwicy u rasy wbp i całej populacji - największą wartością charakteryzują się homozygoty *TT* zaś najmniejszą homozygoty *AA*. Zależność potwierdziła się również podczas analizy całej populacji badanych świń.

Ostatnią skorelowaną cechą z analizowanym polimorfizmem była powierzchnia oka polędwicy. Wykazano, że u świń wbp osobniki homozygotyczne *TT* cechowały się największą powierzchnią oka polędwicy ( $54.79 \pm 0.735$  cm<sup>2</sup>), a najmniejszą homozygotyczne *AA* ( $53.10 \pm 0.703$  cm<sup>2</sup>).

Tabela 23. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na cechy rzeźne świń (LSM ± SE)

Cechy rzeźne	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Wydajność rzeźna (%)	AA	76.41 ± 0.134	75.91 ± 0.121	75.66 ± 0.114	75.81 ± 0.084
	AT	76.61 ± 0.151	75.67 ± 0.165	75.91 ± 0.132	75.90 ± 0.100
	TT	76.32 ± 0.140	75.97 ± 0.149	75.52 ± 0.131	75.76 ± 0.093
Masa połówicy (kg)	AA	7.990 ± 0.074	7.908 ± 0.073	7.064 ± 0.073	7.748 ± 0.050
	AT	7.856 ± 0.084	7.081 ± 0.100	7.081 ± 0.085	7.658 ± 0.059
	TT	7.918 ± 0.078	8.041 ± 0.090	6.999 ± 0.084	7.758 ± 0.055
Masa połówicy bez skóry i słoniny (kg)	AA	6.345 ± 0.067	6.156 ± 0.090	5.446 ± 0.065	6.045 ± 0.050
	AT	6.251 ± 0.075	5.939 ± 0.123	5.460 ± 0.076	5.918 ± 0.059
	TT	6.257 ± 0.070	6.130 ± 0.110	5.447 ± 0.075	6.001 ± 0.055
Masa szynki bez słoniny i skóry (kg)	AA	9.065 ± 0.067	9.058 ± 0.083	8.868 ± 0.069	8.868 ± 0.050
	AT	9.121 ± 0.076	9.081 ± 0.113	8.819 ± 0.080	8.943 ± 0.059
	TT	9.059 ± 0.070	9.093 ± 0.102	9.006 ± 0.079	8.914 ± 0.055
Długość tuszy (cm)	AA	80.28 ± 0.580	81.47 ± 0.318	77.96 ± 0.269	80.35 ± 0.285
	AT	80.87 ± 0.652	81.30 ± 0.434	77.95 ± 0.313	80.52 ± 0.337
	TT	80.29 ± 0.606	80.94 ± 0.390	78.06 ± 0.309	80.19 ± 0.313
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów (cm)	AA	1.405 ± 0.037 <sup>a</sup>	1.424 ± 0.042 <sup>a</sup>	1.630 ± 0.053	1.517 ± 0.030 <sup>a</sup>
	AT	1.564 ± 0.042 <sup>b</sup>	1.583 ± 0.058 <sup>b</sup>	1.692 ± 0.061	1.632 ± 0.036 <sup>b</sup>
	TT	1.544 ± 0.039 <sup>b</sup>	1.505 ± 0.052 <sup>b</sup>	1.549 ± 0.060	1.602 ± 0.033 <sup>b</sup>
Szerokość oka połówicy (cm)	AA	10.40 ± 0.125	10.64 ± 0.102 <sup>a</sup>	10.20 ± 0.094	10.55 ± 0.073
	AT	10.30 ± 0.141	10.78 ± 0.139 <sup>b</sup>	10.23 ± 0.109	10.55 ± 0.087
	TT	10.27 ± 0.131	10.83 ± 0.125 <sup>b</sup>	10.02 ± 0.108	10.46 ± 0.081
Wysokość oka połówicy (cm)	AA	6.760 ± 0.081 <sup>a</sup>	6.761 ± 0.080	6.977 ± 0.074	6.601 ± 0.053 <sup>a</sup>
	AT	6.821 ± 0.091 <sup>b</sup>	6.696 ± 0.109	6.839 ± 0.086	6.754 ± 0.063 <sup>b</sup>
	TT	6.910 ± 0.085 <sup>b</sup>	6.797 ± 0.098	6.972 ± 0.085	6.868 ± 0.058 <sup>b</sup>
Powierzchnia oka połówicy (cm <sup>2</sup> )	AA	53.10 ± 0.703 <sup>a</sup>	53.73 ± 0.718	51.79 ± 0.655	54.28 ± 0.468
	AT	54.31 ± 0.791 <sup>b</sup>	54.43 ± 0.980	51.66 ± 0.763	54.29 ± 0.555
	TT	54.79 ± 0.735 <sup>b</sup>	53.48 ± 0.881	51.35 ± 0.753	53.86 ± 0.516
Zawartość mięsa w tuszy (%)	AA	60.92 ± 0.347	61.02 ± 0.419	59.93 ± 0.419	60.11 ± 0.270
	AT	60.69 ± 0.390	61.61 ± 0.572	59.30 ± 0.488	60.04 ± 0.319
	TT	60.61 ± 0.363	61.18 ± 0.514	60.36 ± 0.481	60.18 ± 0.297
Masa mięsa wyrębów podstawowych (kg)	AA	23.88 ± 0.136	23.77 ± 0.165	22.79 ± 0.155	23.33 ± 0.103
	AT	23.81 ± 0.153	24.02 ± 0.226	22.68 ± 0.180	23.32 ± 0.122
	TT	23.78 ± 0.142	23.83 ± 0.203	22.74 ± 0.178	23.35 ± 0.114

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

## 5.5. Analiza związku badanych polimorfizmów genu *ACTN3* z parametrami jakości mięsa wieprzowego

### 5.5.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)

Analiza zależności wykazała istotny ( $p \leq 0.05$ ) wpływ poszczególnych wariantów na następujące cechy jakości mięsa: zawartość tłuszczu śródmięśniowego, wodochłonność,



barwa mięsa ( $L^*$ ), odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu i odczyn pH45 mięśnia półbłoniastego (Tabela 24).

Najwyższą zawartością tłuszczu śródmięśniowego charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *CT* wśród ras wbp oraz pbz ( $1.239 \pm 0.029\%$  i  $1.262 \pm 0.028\%$ ) i homozygotyczne *CC* u rasy puławskiej i w całej populacji badanych świń. Najniższą zawartość tego parametru odnotowano u homozygot *TT* wszystkich ras jak również w całej populacji.

Najwyższą wodochłonnością mięsa cechowały się osobniki homozygotyczne *TT* w przypadku rasy wbp ( $29.51 \pm 1.309\%$ ), zaś u świń rasy puławskiej u heterozygoty *CT* ( $33.96 \pm 0.756\%$ ). Najniższą wartość tego parametru odnotowano u świń heterozygotycznych *CT* ( $25.25 \pm 0.938\%$ ) rasy wbp i homozygotycznych *TT* ( $30.03 \pm 2.218$ ) rasy puławskiej.

Tabela 24. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy jakości mięsa	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Zawartość tłuszczu śródmięśniowego	<i>CC</i>	$1.210 \pm 0.020^a$	$1.256 \pm 0.028^a$	$1.382 \pm 0.053^a$	$1.252 \pm 0.022^a$
	<i>CT</i>	$1.239 \pm 0.029^a$	$1.262 \pm 0.028^a$	$1.348 \pm 0.053^a$	$1.219 \pm 0.026^a$
	<i>TT</i>	$1.156 \pm 0.040^b$	$1.159 \pm 0.040^b$	$1.142 \pm 0.137^b$	$1.122 \pm 0.038^b$
Wodochłonność (%)	<i>CC</i>	$26.37 \pm 0.680^a$	$24.94 \pm 0.963$	$32.43 \pm 0.760^a$	$24.78 \pm 0.536$
	<i>CT</i>	$25.25 \pm 0.938^a$	$25.22 \pm 1.023$	$33.96 \pm 0.756^a$	$24.85 \pm 0.622$
	<i>TT</i>	$29.51 \pm 1.309^b$	$25.09 \pm 1.423$	$30.03 \pm 2.218^b$	$25.14 \pm 0.915$
Barwa mięsa ( $L^*$ )	<i>CC</i>	$52.70 \pm 0.245^a$	$52.13 \pm 0.466$	$54.03 \pm 0.359$	$52.37 \pm 0.240$
	<i>CT</i>	$52.57 \pm 0.338^a$	$51.99 \pm 0.490$	$55.09 \pm 0.356$	$52.56 \pm 0.277$
	<i>TT</i>	$50.10 \pm 0.472^b$	$52.45 \pm 0.702$	$53.83 \pm 1.046$	$52.24 \pm 0.0411$
Barwa mięsa ( $a^*$ )	<i>CC</i>	$18.10 \pm 0.154$	$18.12 \pm 0.316$	$16.43 \pm 0.136$	$18.14 \pm 0.138$
	<i>CT</i>	$18.02 \pm 0.212$	$18.08 \pm 0.333$	$16.24 \pm 0.135$	$18.03 \pm 0.160$
	<i>TT</i>	$18.56 \pm 0.296$	$18.59 \pm 0.477$	$16.79 \pm 0.397$	$18.56 \pm 0.237$
Barwa mięsa ( $b^*$ )	<i>CC</i>	$5.011 \pm 0.119$	$4.602 \pm 0.260$	$2.734 \pm 0.125$	$5.026 \pm 0.114$
	<i>CT</i>	$4.894 \pm 0.164$	$4.690 \pm 0.273$	$2.845 \pm 0.124$	$5.011 \pm 0.132$
	<i>TT</i>	$5.162 \pm 0.229$	$4.678 \pm 0.392$	$2.921 \pm 0.364$	$5.123 \pm 0.196$
Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu	<i>CC</i>	$6.283 \pm 0.023^a$	$6.177 \pm 0.032^a$	$6.238 \pm 0.018$	$6.157 \pm 0.017$
	<i>CT</i>	$6.234 \pm 0.031^a$	$6.157 \pm .0033^a$	$6.226 \pm 0.018$	$6.154 \pm 0.019$
	<i>TT</i>	$6.187 \pm 0.044^b$	$6.088 \pm 0.048^b$	$6.248 \pm 0.055$	$6.159 \pm 0.029$
Odczyn pH24 mięśnia najdłuższego grzbietu	<i>CC</i>	$5.572 \pm 0.011$	$5.558 \pm 0.016$	$5.609 \pm 0.009$	$5.564 \pm 0.008$
	<i>CT</i>	$5.544 \pm 0.015$	$5.550 \pm 0.017$	$5.596 \pm 0.009$	$5.548 \pm 0.009$
	<i>TT</i>	$5.560 \pm 0.022$	$5.551 \pm 0.025$	$5.606 \pm 0.027$	$5.557 \pm 0.014$
Odczyn pH45 mięśnia półbłoniastego	<i>CC</i>	$6.367 \pm 0.021^a$	$6.355 \pm 0.028^a$	$6.210 \pm 0.017$	$6.307 \pm 0.016$
	<i>CT</i>	$6.360 \pm 0.029^a$	$6.374 \pm 0.029^a$	$6.203 \pm 0.016$	$6.317 \pm 0.018$
	<i>TT</i>	$6.245 \pm 0.040^b$	$6.171 \pm 0.042^b$	$6.248 \pm 0.048$	$6.323 \pm 0.027$
Odczyn pH24 mięśnia półbłoniastego	<i>CC</i>	$5.639 \pm 0.014$	$5.650 \pm 0.017$	$5.604 \pm 0.014$	$5.639 \pm 0.010$
	<i>CT</i>	$5.610 \pm 0.020$	$5.628 \pm 0.018$	$5.602 \pm 0.014$	$5.622 \pm 0.012$
	<i>TT</i>	$5.641 \pm 0.028$	$5.630 \pm 0.025$	$5.595 \pm 0.040$	$5.633 \pm 0.018$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

Analiza barwy mięsa ( $L^*$ ) u rasy wbp wykazała najwyższą jej wartość u osobników heterozygotycznych *CT* ( $52.57 \pm 0.338$ ); najniższą zaś stwierdzono u homozygot *TT* ( $50.10 \pm 0.472$ ).

Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu i półbłoniastego korelował istotnie z badanym polimorfizmem u ras wbp i pbz. Najwyższą wartością pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC*, najniższą wartość zanotowano u homozygot *TT*. Parametr ten dla mięśnia półbłoniastego osiągnął najwyższą wartość dla homozygot *TT* rasy wbp i heterozygot *CT* rasy pbz. Najniższą wartość pH45 mięśnia półbłoniastego odnotowano u osobników homozygotycznych *TT* obu ras.

### 5.5.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

Analiza polimorfizmu SNP2 wykazała istotną ( $p \leq 0.05$ ) zależność z cechami jakości mięsa świń takimi jak: zawartość tłuszczu śródmięśniowego (puławska i cała populacja), barwa mięsa ( $L^*$ ) (wbp, pbz) i odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu (pbz) (Tabela 25).

U świń rasy puławskiej najwyższą zawartością IMF charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *TT* ( $1.584 \pm 0.145\%$ ), najniższą homozygotyczne *CC* ( $1.344 \pm 0.047\%$ ). Zależność ta potwierdziła się również przy analizie całej populacji badanych świń.

Wśród rasy wbp i pbz barwa mięsa ( $L^*$ ) najwyższą wartość osiągnęła u osobników homozygotycznych *TT*, a najniższą u heterozygot *CT* (wbp) i homozygot *CC* (pbz).

Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu miał najwyższą wartość dla osobników homozygotycznych *CC* ( $6.171 \pm 0.031$ ) a najniższą dla homozygotycznych *TT* ( $6.074 \pm 0.068$ ) u rasy pbz.

Tabela 25. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM  $\pm$  SE)

Cechy jakości mięsa	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Zawartość tłuszczu śródmięśniowego	<i>CC</i>	$1.139 \pm 0.024$	$1.143 \pm 0.027$	$1.344 \pm 0.047^a$	$1.121 \pm 0.023^a$
	<i>CT</i>	$1.222 \pm 0.023$	$1.177 \pm 0.027$	$1.358 \pm 0.060^a$	$1.160 \pm 0.024^a$
	<i>TT</i>	$1.224 \pm 0.037$	$1.148 \pm 0.054$	$1.584 \pm 0.145^b$	$1.295 \pm 0.041^b$
Wodochłonność (%)	<i>CC</i>	$25.18 \pm 0.771$	$24.40 \pm 0.948$	$34.03 \pm 0.669$	$24.57 \pm 0.557$
	<i>CT</i>	$26.84 \pm 0.768$	$25.69 \pm 0.986$	$32.06 \pm 0.891$	$25.04 \pm 0.579$
	<i>TT</i>	$27.37 \pm 1.228$	$26.40 \pm 0.987$	$32.15 \pm 2.079$	$25.63 \pm 0.986$
Barwa mięsa ( $L^*$ )	<i>CC</i>	$52.53 \pm 0.280^a$	$51.18 \pm 0.459^a$	$54.74 \pm 0.318^a$	$52.56 \pm 0.248^a$
	<i>CT</i>	$52.51 \pm 0.279^a$	$51.87 \pm 0.472^a$	$53.95 \pm 0.424^a$	$52.13 \pm 0.257^a$
	<i>TT</i>	$55.12 \pm 0.446^b$	$53.60 \pm 0.982^b$	$56.63 \pm 0.989^b$	$56.16 \pm 0.441^b$

Barwa mięsa (a*)	CC	18.14 ± 0.176	18.28 ± 0.314	16.33 ± 0.121	18.17 ± 0.144
	CT	18.17 ± 0.176	18.08 ± 0.323	16.44 ± 0.161	18.16 ± 0.150
	TT	18.03 ± 0.281	17.81 ± 0.673	16.15 ± 0.376	17.99 ± 0.256
Barwa mięsa (b*)	CC	5.032 ± 0.136	4.778 ± 0.255	2.876 ± 0.109	5.128 ± 0.119
	CT	5.042 ± 0.136	4.624 ± 0.262	2.607 ± 0.146	4.977 ± 0.123
	TT	4.722 ± 0.216	3.666 ± 0.547	3.070 ± 0.340	4.676 ± 0.210
Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu	CC	6.239 ± 0.026	6.171 ± 0.031 <sup>a</sup>	6.231 ± 0.016	6.170 ± 0.017
	CT	6.209 ± 0.026	6.150 ± 0.033 <sup>a</sup>	6.230 ± 0.021	6.141 ± 0.018
	TT	6.257 ± 0.042	6.074 ± 0.068 <sup>b</sup>	6.260 ± 0.052	6.151 ± 0.031
Odczyn pH24 mięśnia najdłuższego grzbietu	CC	5.560 ± 0.013	5.565 ± 0.016	5.598 ± 0.008	5.559 ± 0.009
	CT	5.563 ± 0.013	5.541 ± 0.017	5.612 ± 0.010	5.556 ± 0.009
	TT	5.582 ± 0.021	5.553 ± 0.034	6.243 ± 0.045	5.567 ± 0.015
Odczyn pH45 mięśnia półbłoniastego	CC	6.393 ± 0.024	6.357 ± 0.028	6.211 ± 0.015	6.329 ± 0.016
	CT	6.355 ± 0.024	6.347 ± 0.029	6.186 ± 0.019	6.292 ± 0.017
	TT	6.387 ± 0.038	6.317 ± 0.060	6.243 ± 0.045	6.307 ± 0.029
Odczyn pH24 mięśnia półbłoniastego	CC	5.625 ± 0.016	5.650 ± 0.017	5.609 ± 0.012	5.636 ± 0.011
	CT	5.635 ± 0.016	5.629 ± 0.017	5.599 ± 0.016	5.630 ± 0.011
	TT	5.658 ± 0.026	5.612 ± 0.035	5.550 ± 0.038	5.633 ± 0.019

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

### 5.5.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Badany polimorfizm korelował istotnie ( $p \leq 0.05$ ) tylko z wodochłonnością mięsa u rasy wbp. Najwyższą jej wartością charakteryzowały się osobniki homozygotyczne AA ( $27.32 \pm 1.298$  %), najniższą osobniki o genotypie TT ( $25.84 \pm 0.838$  %) (Tabela 26).

Tabela 26. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE)

Cechy jakości mięsa	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Puławska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Zawartość tłuszczu śródmięśniowego	AA	1.196 ± 0.039	1.108 ± 0.042	1.283 ± 0.122	1.213 ± 0.038
	AC	1.194 ± 0.022	1.159 ± 0.027	1.338 ± 0.057	1.235 ± 0.024
	CC	1.169 ± 0.027	1.167 ± 0.027	1.399 ± 0.051	1.247 ± 0.024
Wodochłonność (%)	AA	27.32 ± 1.298 <sup>a</sup>	25.92 ± 1.390	32.01 ± 1.721	25.28 ± 0.865
	AC	26.08 ± 0.726 <sup>ab</sup>	25.32 ± 0.957	32.09 ± 0.815	24.62 ± 0.568
	CC	25.84 ± 0.838 <sup>b</sup>	24.59 ± 0.970	34.38 ± 0.721	24.95 ± 0.574
Barwa mięsa (L*)	AA	53.11 ± 0.462	52.18 ± 0.686	54.74 ± 0.829	52.70 ± 0.388
	AC	52.21 ± 0.258	52.21 ± 0.465	54.17 ± 0.393	52.20 ± 0.254
	CC	52.95 ± 0.298	52.01 ± 0.465	54.77 ± 0.348	52.55 ± 0.255
Barwa mięsa (a*)	AA	18.25 ± 0.295	18.20 ± 0.467	16.25 ± 0.312	18.19 ± 0.225
	AC	18.15 ± 0.165	18.10 ± 0.317	16.50 ± 0.148	18.16 ± 0.147
	CC	18.10 ± 0.190	18.22 ± 0.317	16.27 ± 0.131	18.14 ± 0.148
Barwa mięsa (b*)	AA	4.769 ± 0.227	4.912 ± 0.381	2.662 ± 0.283	5.038 ± 0.185
	AC	5.050 ± 0.127	4.510 ± 0.259	2.656 ± 0.134	4.964 ± 0.121
	CC	5.017 ± 0.147	4.717 ± 0.259	2.931 ± 0.119	5.098 ± 0.122

Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu	AA	6.133 ± 0.043	6.128 ± 0.047	6.234 ± 0.043	6.106 ± 0.028
	AC	6.248 ± 0.024	6.162 ± 0.032	6.225 ± 0.019	6.166 ± 0.018
	CC	6.227 ± 0.028	6.158 ± 0.032	6.238 ± 0.017	6.158 ± 0.018
Odczyn pH24 mięśnia najdłuższego grzbietu	AA	5.614 ± 0.021	5.554 ± 0.025	5.579 ± 0.021	5.574 ± 0.014
	AC	5.560 ± 0.012	5.562 ± 0.016	5.616 ± 0.009	5.563 ± 0.009
	CC	5.552 ± 0.014	5.547 ± 0.016	5.595 ± 0.008	5.550 ± 0.009
Odczyn pH45 mięśnia półbłoniastego	AA	6.359 ± 0.040	6.290 ± 0.041	6.234 ± 0.038	6.284 ± 0.025
	AC	6.389 ± 0.023	6.350 ± 0.028	6.206 ± 0.018	6.319 ± 0.017
	CC	6.361 ± 0.026	6.366 ± 0.028	6.199 ± 0.016	6.312 ± 0.017
Odczyn pH24 mięśnia półbłoniastego	AA	5.669 ± 0.027	5.634 ± 0.025	5.588 ± 0.032	5.643 ± 0.017
	AC	5.630 ± 0.015	5.632 ± 0.017	5.602 ± 0.015	5.629 ± 0.011
	CC	5.624 ± 0.018	5.646 ± 0.017	5.605 ± 0.013	5.634 ± 0.011

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (ab)

#### 5.5.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)

Analiza polimorfizmu w pozycji 2:5873644 nie wykazała istotnych zależności z żadną z ocenianych cech jakości mięsa u wszystkich ras świń i w całej populacji (Tabela 27).

Tabela 27. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE)

Cechy jakości mięsa	Genotyp	Wbp (n=206)	Pbz (n=213)	Pulawska (n=159)	Cała populacja (n=578)
Zawartość tłuszczu śródmięśniowego	AA	1.179 ± 0.025	1.151 ± 0.025	1.416 ± 0.056	1.245 ± 0.024
	AT	1.180 ± 0.030	1.186 ± 0.037	1.385 ± 0.071	1.242 ± 0.030
	TT	1.198 ± 0.025	1.161 ± 0.031	1.380 ± 0.063	1.226 ± 0.026
Wodochłonność (%)	AA	25.99 ± 0.808	25.09 ± 0.928	34.46 ± 0.799	25.08 ± 0.569
	AT	25.68 ± 0.919	24.83 ± 1.226	33.48 ± 0.968	24.64 ± 0.676
	TT	26.68 ± 0.844	25.27 ± 1.116	34.38 ± 0.931	24.66 ± 0.621
Barwa mięsa (L*)	AA	52.43 ± 0.292	52.21 ± 0.442	54.84 ± 0.385	52.47 ± 0.254
	AT	52.76 ± 0.332	51.94 ± 0.605	54.72 ± 0.466	52.50 ± 0.303
	TT	52.61 ± 0.305	52.03 ± 0.543	53.91 ± 0.449	52.27 ± 0.278
Barwa mięsa (a*)	AA	18.31 ± 0.182	18.28 ± 0.299	16.32 ± 0.143	18.28 ± 0.147
	AT	17.87 ± 0.207	18.19 ± 0.409	16.06 ± 0.173	17.94 ± 0.175
	TT	18.18 ± 0.190	17.80 ± 0.368	16.69 ± 0.166	18.14 ± 0.161
Barwa mięsa (b*)	AA	4.992 ± 0.141	4.754 ± 0.246	3.045 ± 0.131	5.134 ± 0.121
	AT	5.148 ± 0.161	4.434 ± 0.337	2.660 ± 0.158	4.987 ± 0.144
	TT	4.905 ± 0.148	4.561 ± 0.302	2.587 ± 0.152	4.919 ± 0.133
Odczyn pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu	AA	6.252 ± 0.027	6.168 ± 0.030	6.209 ± 0.019	6.161 ± 0.018
	AT	6.221 ± 0.031	6.139 ± 0.041	6.245 ± 0.023	6.157 ± 0.021
	TT	6.205 ± 0.028	6.142 ± 0.037	6.252 ± 0.022	6.147 ± 0.020
Odczyn pH24 mięśnia najdłuższego grzbietu	AA	5.563 ± 0.014	5.545 ± 0.015	5.596 ± 0.010	5.551 ± 0.009
	AT	5.559 ± 0.015	5.557 ± 0.021	5.594 ± 0.011	5.553 ± 0.010
	TT	5.569 ± 0.014	5.579 ± 0.019	5.620 ± 0.011	5.573 ± 0.010
Odczyn pH45 mięśnia półbłoniastego	AA	6.410 ± 0.025	6.354 ± 0.027	6.190 ± 0.018	6.322 ± 0.017
	AT	6.346 ± 0.028	6.367 ± 0.036	6.194 ± 0.021	6.306 ± 0.020
	TT	6.361 ± 0.026	6.322 ± 0.033	6.234 ± 0.020	6.301 ± 0.018
Odczyn pH24 mięśnia półbłoniastego	AA	5.632 ± 0.017	5.624 ± 0.016	5.588 ± 0.015	5.622 ± 0.011
	AT	5.610 ± 0.019	5.670 ± 0.022	5.600 ± 0.018	5.630 ± 0.013
	TT	5.650 ± 0.018	5.653 ± 0.019	5.623 ± 0.017	5.651 ± 0.012

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (ab)

## 5.6. Analiza związku badanych wariantów genu *ACTN3* z parametrami tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu

### 5.6.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)

Analiza polimorfizmu w odniesieniu do cech tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu wykazała istotne zależności dla: jędrności i wytrzymałości mięsa surowego i gotowanego, twardości, żuźności oraz odbojności (Tabela 28).

Najwyższą wartość jędrności mięsa surowego stwierdzono u osobników homozygotycznych *TT* rasy wbp ( $p \leq 0.01$ ), homozygotycznych *CC* rasy pbz ( $p \leq 0.05$ ) i heterozygotycznych *CT* rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ). Najniższą wartością zaś odznaczały się zwierzęta heterozygotyczne *CT* rasy wbp i homozygotyczne *TT* ras pbz i puławska.

Wytrzymałość mięsa surowego była statystycznie istotnie ( $p \leq 0.01$ ) powiązana z genotypami *ACTN3* u rasy pbz oraz puławskiej. Najwyższe wartości ( $69.67 \pm 3.169$  i  $59.14 \pm 5.028$ ) stwierdzono u świń homozygotycznych *CC* obu ras, najniższe ( $55.61 \pm 7.344$  i  $32.68 \pm 13.77$ ) u homozygot *TT*. Taką samą zależność potwierdzono przy analizie całej populacji badanych świń ( $p \leq 0.05$ ).

Najwyższą wartość jędrności mięsa gotowanego ( $p \leq 0.05$ ) wśród całej populacji badanych świń stwierdzono u zwierząt homozygotycznych *TT* ( $79.76 \pm 3.424$ ), najniższą u homozygotycznych *CC* ( $70.63 \pm 1.532$ ).

Parametr wytrzymałości mięsa gotowanego miał istotnie ( $p \leq 0.05$ ) najwyższą wartość u osobników homozygotycznych *CC* ( $189.5 \pm 4.071$ ), najniższą u homozygotycznych *TT* ( $175.1 \pm 9.097$ ) wśród całej badanej populacji świń.

Twardość mięsa istotnie ( $p \leq 0.05$ ) korelowała z badanym polimorfizmem u rasy puławskiej i całej badanej populacji świń. Najwyższą wartość tego parametru odnotowano dla homozygot *CC* zarówno u rasy puławskiej jak i całej populacji. Najniższymi wartościami charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *TT*.

Tabela 28. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na wybrane parametry tekstury polędwicy wieprzowej (LSM ± SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=158)	Pbz (n=171)	Puławska (n=65)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	<i>CC</i>	27.52 ± 1.100 <sup>A</sup>	24.30 ± 1.095 <sup>a</sup>	20.60 ± 1.613 <sup>A</sup>	24.20 ± 0.759
	<i>CT</i>	25.82 ± 1.343 <sup>A</sup>	23.47 ± 1.564 <sup>a</sup>	20.78 ± 1.587 <sup>A</sup>	24.19 ± 0.899
	<i>TT</i>	31.67 ± 2.535 <sup>B</sup>	20.93 ± 2.537 <sup>b</sup>	14.17 ± 4.418 <sup>B</sup>	23.61 ± 1.697
Wytrzymałość (s)	<i>CC</i>	72.65 ± 3.194	69.67 ± 3.169 <sup>A</sup>	59.14 ± 5.028 <sup>A</sup>	67.21 ± 2.224 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	72.40 ± 3.900	63.73 ± 4.527 <sup>A</sup>	58.54 ± 4.947 <sup>A</sup>	66.58 ± 2.632 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	74.05 ± 7.361	55.61 ± 7.344 <sup>B</sup>	32.68 ± 13.77 <sup>B</sup>	61.30 ± 4.970 <sup>b</sup>
Jędrność (g)	<i>CC</i>	81.60 ± 2.341	82.43 ± 2.138	74.56 ± 3.058	70.63 ± 1.532 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	81.10 ± 2.859	72.43 ± 3.054	77.65 ± 3.009	72.97 ± 1.813 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	90.17 ± 5.397	74.22 ± 4.955	80.76 ± 8.375	79.76 ± 3.424 <sup>b</sup>
Wytrzymałość (g)	<i>CC</i>	199.1 ± 6.542	183.6 ± 5.464	172.8 ± 8.189	189.5 ± 4.071 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	192.6 ± 7.988	169.6 ± 7.804	173.2 ± 8.056	185.2 ± 4.818 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	193.2 ± 15.08	178.3 ± 12.66	175.0 ± 22.43	175.1 ± 9.097 <sup>b</sup>
Twardość	<i>CC</i>	9.010 ± 0.464	7.810 ± 0.421	7.189 ± 0.620 <sup>a</sup>	8.051 ± 0.301 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	9.817 ± 0.566	6.278 ± 0.601	6.427 ± 0.610 <sup>b</sup>	7.806 ± 0.356 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	8.396 ± 1.069	6.973 ± 0.974	5.931 ± 1.699 <sup>c</sup>	7.272 ± 0.672 <sup>b</sup>
Sprężystość	<i>CC</i>	0.712 ± 0.007	0.685 ± 0.006	0.686 ± 0.011	0.695 ± 0.005
	<i>CT</i>	0.698 ± 0.009	0.674 ± 0.009	0.673 ± 0.011	0.678 ± 0.005
	<i>TT</i>	0.702 ± 0.016	0.686 ± 0.015	0.678 ± 0.031	0.690 ± 0.010
Spójność	<i>CC</i>	0.646 ± 0.007	0.624 ± 0.006	0.618 ± 0.010	0.632 ± 0.005
	<i>CT</i>	0.629 ± 0.009	0.610 ± 0.009	0.626 ± 0.010	0.621 ± 0.005
	<i>TT</i>	0.658 ± 0.016	0.624 ± 0.015	0.654 ± 0.028	0.641 ± 0.010
Żujność	<i>CC</i>	4.254 ± 0.241	2.449 ± 0.206 <sup>A</sup>	3.222 ± 0.318	3.666 ± 0.152
	<i>CT</i>	3.601 ± 0.295	2.744 ± 0.295 <sup>A</sup>	2.863 ± 0.313	3.049 ± 0.180
	<i>TT</i>	3.979 ± 0.556	3.267 ± 0.478 <sup>B</sup>	2.744 ± 0.871	3.420 ± 0.340
Odbojność	<i>CC</i>	0.281 ± 0.004 <sup>a</sup>	0.266 ± 0.004	0.262 ± 0.006	0.271 ± 0.003
	<i>CT</i>	0.270 ± 0.005 <sup>a</sup>	0.260 ± 0.005	0.267 ± 0.006	0.265 ± 0.003
	<i>TT</i>	0.324 ± 0.010 <sup>b</sup>	0.266 ± 0.008	0.286 ± 0.018	0.275 ± 0.006

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

Ostatnim parametrem, którego wartości miały istotne ( $p \leq 0.01$ ) powiązania z wariantami genu *ACTN3* jest żujność mięsa. Osobniki homozygotyczne *TT* rasy pbz charakteryzowały się najwyższą wartością tej cechy ( $3.267 \pm 0.478$ ), najniższą zaś odnotowano u homozygot *CC* ( $2.449 \pm 0.206$ ).

### 5.6.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

Analiza związku badanego polimorfizmu z cechami tekstury mięsa polędwicy u świń wykazała istotne zależności na różnym poziomie z każdą z badanych cech (Tabela 29).

Istotną zależność ( $p \leq 0.05$ ) pomiędzy badanym polimorfizmem a jędrnością mięsa surowego odnotowano u ras wbp, puławska oraz całej populacji badanych świń. Najwyższą wartością tego parametru charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC* rasy wbp ( $28.94 \pm 1.320$ ) i heterozygotyczne *CT* rasy puławskiej ( $20.49 \pm 1.871$ ). Analiza całej

populacji wykazała najwyższy poziom tej cechy u świń o genotypie heterozygotycznym *CT* ( $24.09 \pm 0.884$ ). Najniższa wartość dla jędrności mięsa surowego została stwierdzona u osobników homozygotycznych *TT* dla obydwu ras i całej populacji.

Badanie polimorfizmu wykazało istotny wpływ ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) na wytrzymałość mięsa surowego. Taką zależność potwierdzono u rasy wbp, puławskiej i całej badanej populacji. W każdej z tych populacji najwyższą wartość zauważono dla świń o genotypie homozygotycznym *CC*, zaś najniższą u świń homozygotycznych *TT*.

Jędrność mięsa gotowanego była statystycznie powiązana z wariantami *ACTN3* u rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) oraz całej populacji ( $p \leq 0.05$ ). Świnie o genotypie homozygotycznym *CC* rasy puławskiej charakteryzowały się jędrnością na najwyższym poziomie -  $74.05 \pm 2.691$ , zaś te o genotypie homozygotycznym *TT* najniższym ( $57.18 \pm 9.704$ ). Wśród całej badanej populacji świń odnotowano najwyższą wartość parametru dla heterozygot *CT* ( $78.82 \pm 1.797$ ), najniższą dla homozygot *TT* ( $74.49 \pm 3.952$ ).

Kolejnym parametrem tekstury mięsa gotowanego, który istotnie ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) korelował z polimorfizmem była wytrzymałość. Zauważono u rasy puławskiej, że osobniki homozygotyczne *CC* miały najwyższą wartość tego parametru ( $171.2 \pm 7.220$ ) a najniższą osobniki homozygotyczne *TT* ( $57.18 \pm 9.704$ ). Analiza całej populacji wykazała, że świnie o genotypie homozygotycznym *TT* cechowały się najwyższą wartością wytrzymałości mięsa gotowanego ( $193.8 \pm 10.43$ ), podczas gdy najniższą odnotowano u osobników homozygotycznych *CC* ( $177.8 \pm 4.080$ ).

Istotną zależność ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) pomiędzy poszczególnymi wariantami a twardością i sprężystością mięsa zauważono wśród rasy puławskiej. Osobniki homozygotyczne *CC* charakteryzowały się najwyższą twardością mięsa zaś homozygotyczne *TT* najniższą. Najwyższą wartość sprężystości zaobserwowano zaś u heterozygot *CT*, najniższą u homozygot *TT*.

Spójność mięsa wykazała istotne ( $p \leq 0.05$ ) powiązanie z genotypami u ras pbz i puławska oraz całej populacji badanych świń. U rasy pbz i puławska najwyższą wartość tego parametru zaobserwowano u osobników homozygotycznych *CC*, a najniższą u homozygotycznych *TT*. Podczas analizy całej populacji świń najwyższe wartości dla spójności mięsa odnotowano u heterozygot *CT* ( $0.639 \pm 0.005$ ), podczas gdy homozygoty *TT* odznaczały się najniższym poziomem tego parametru ( $0.617 \pm 0.012$ ).

W przypadku rasy puławskiej u osobników homozygotycznych *CC* odnotowano najwyższe wartości żujności ( $p \leq 0.05$ ) -  $3.272 \pm 0.276$ . Osobniki homozygotyczne *TT* cechowały się zaś najniższą wartością tego parametru ( $2.279 \pm 0.994$ ). Analiza całej populacji

badanych świń wykazała, że najwyższą wartością żujności mięsa odznaczają się osobniki homozygotyczne *TT* ( $3.742 \pm 0.393$ ), a najniższym homozygotyczne *CC* ( $3.298 \pm 0.154$ ).

Ostatnim parametrem skorelowanym z badanym polimorfizmem jest odbojność mięsa. Najwyższymi wartościami o istotnym poziomie ( $p \leq 0.05$ ) charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *CT* ras pbz i puławska. Najniższe wartości reprezentowały osobniki homozygotyczne *TT* obu ras.

Tabela 29. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na wybrane parametry tekstury połędwicy wieprzowej (LSM  $\pm$  SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=158)	Pbz (n=171)	Puławska (n=65)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	<i>CC</i>	28.94 $\pm$ 1.320 <sup>a</sup>	22.80 $\pm$ 1.042	20.30 $\pm$ 1.437 <sup>a</sup>	23.76 $\pm$ 0.760 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	27.06 $\pm$ 1.141 <sup>a</sup>	24.98 $\pm$ 1.529	20.49 $\pm$ 1.871 <sup>a</sup>	24.09 $\pm$ 0.884 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	23.58 $\pm$ 2.267 <sup>b</sup>	24.11 $\pm$ 4.167	18.66 $\pm$ 5.181 <sup>b</sup>	22.12 $\pm$ 1.944 <sup>b</sup>
Wytrzymałość (s)	<i>CC</i>	78.55 $\pm$ 3.812 <sup>Aa</sup>	64.37 $\pm$ 3.039	57.80 $\pm$ 4.527 <sup>a</sup>	66.19 $\pm$ 2.230 <sup>A</sup>
	<i>CT</i>	72.58 $\pm$ 3.294 <sup>ABb</sup>	68.89 $\pm$ 4.460	56.64 $\pm$ 5.895 <sup>ab</sup>	65.88 $\pm$ 2.593 <sup>A</sup>
	<i>TT</i>	63.93 $\pm$ 6.547 <sup>Bc</sup>	79.78 $\pm$ 12.16	54.32 $\pm$ 16.32 <sup>b</sup>	61.95 $\pm$ 5.702 <sup>B</sup>
Jędrność (g)	<i>CC</i>	81.16 $\pm$ 2.830	78.92 $\pm$ 2.076	74.05 $\pm$ 2.691 <sup>Aa</sup>	77.71 $\pm$ 1.545 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	82.92 $\pm$ 2.445	80.33 $\pm$ 3.047	69.45 $\pm$ 3.505 <sup>Ab</sup>	78.82 $\pm$ 1.797 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	83.11 $\pm$ 4.860	77.62 $\pm$ 8.303	57.18 $\pm$ 9.704 <sup>Bc</sup>	74.49 $\pm$ 3.952 <sup>b</sup>
Wytrzymałość (g)	<i>CC</i>	196.1 $\pm$ 7.778	189.5 $\pm$ 5.269	171.2 $\pm$ 7.220 <sup>Aa</sup>	177.8 $\pm$ 4.080 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	202.1 $\pm$ 6.721	195.3 $\pm$ 7.733	167.6 $\pm$ 9.402 <sup>Ab</sup>	180.1 $\pm$ 4.744 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	200.4 $\pm$ 13.36	193.5 $\pm$ 21.08	151.0 $\pm$ 26.03 <sup>Bc</sup>	193.8 $\pm$ 10.43 <sup>b</sup>
Twardość	<i>CC</i>	8.513 $\pm$ 0.561	6.776 $\pm$ 0.398	7.340 $\pm$ 0.535 <sup>Aa</sup>	7.348 $\pm$ 0.304
	<i>CT</i>	8.546 $\pm$ 0.485	6.836 $\pm$ 0.584	6.887 $\pm$ 0.697 <sup>Ab</sup>	7.608 $\pm$ 0.353
	<i>TT</i>	8.421 $\pm$ 0.964	6.90 $\pm$ 1.591	5.659 $\pm$ 1.930 <sup>Bc</sup>	7.223 $\pm$ 0.777
Sprężystość	<i>CC</i>	0.691 $\pm$ 0.009	0.677 $\pm$ 0.006	0.679 $\pm$ 0.010 <sup>a</sup>	0.681 $\pm$ 0.005
	<i>CT</i>	0.709 $\pm$ 0.007	0.693 $\pm$ 0.009	0.684 $\pm$ 0.013 <sup>a</sup>	0.696 $\pm$ 0.005
	<i>TT</i>	0.709 $\pm$ 0.015	0.689 $\pm$ 0.024	0.646 $\pm$ 0.035 <sup>b</sup>	0.692 $\pm$ 0.012
Spójność	<i>CC</i>	0.631 $\pm$ 0.008	0.654 $\pm$ 0.006 <sup>a</sup>	0.626 $\pm$ 0.009 <sup>a</sup>	0.633 $\pm$ 0.005 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	0.651 $\pm$ 0.007	0.634 $\pm$ 0.009 <sup>a</sup>	0.625 $\pm$ 0.012 <sup>a</sup>	0.639 $\pm$ 0.005 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	0.631 $\pm$ 0.015	0.608 $\pm$ 0.024 <sup>b</sup>	0.597 $\pm$ 0.033 <sup>b</sup>	0.617 $\pm$ 0.012 <sup>b</sup>
Żujność	<i>CC</i>	3.936 $\pm$ 0.292	2.962 $\pm$ 0.195	3.272 $\pm$ 0.276 <sup>a</sup>	3.298 $\pm$ 0.154 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	4.025 $\pm$ 0.253	3.072 $\pm$ 0.286	2.694 $\pm$ 0.359 <sup>a</sup>	3.510 $\pm$ 0.178 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	4.018 $\pm$ 0.502	2.780 $\pm$ 0.780	2.279 $\pm$ 0.994 <sup>b</sup>	3.742 $\pm$ 0.393 <sup>c</sup>
Odbojność	<i>CC</i>	0.275 $\pm$ 0.005	0.271 $\pm$ 0.003 <sup>a</sup>	0.267 $\pm$ 0.006 <sup>a</sup>	0.267 $\pm$ 0.003
	<i>CT</i>	0.280 $\pm$ 0.004	0.272 $\pm$ 0.005 <sup>a</sup>	0.267 $\pm$ 0.007 <sup>a</sup>	0.273 $\pm$ 0.003
	<i>TT</i>	0.275 $\pm$ 0.009	0.257 $\pm$ 0.014 <sup>b</sup>	0.246 $\pm$ 0.021 <sup>b</sup>	0.264 $\pm$ 0.007

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

### 5.6.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Na podstawie analizy zależności polimorfizmu *ACTN3* z parametrami tekstury połędwicy wykazano istotny związek ( $p \leq 0.05$ ) z jędrnością i wytrzymałością mięsa surowego, jędrnością mięsa gotowanego oraz spójnością u rasy puławskiej i całej populacji (Tabela 30).



Wykazano, że w przypadku jędrności mięsa surowego, najwyższą wartość reprezentowały osobniki homozygotyczne CC rasy puławskiej ( $22.87 \pm 1.675$ ), a najniższą homozygotyczne AA ( $18.44 \pm 3.289$ ).

Kolejnym skorelowanym parametrem była wytrzymałość mięsa surowego. U rasy puławskiej i w całej populacji najwyższymi wartościami odznaczały się osobniki o genotypie homozygotycznym CC, najniższymi zaś osobniki heterozygotyczne AC.

Tabela 30. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na wybrane parametry tekstury poledwicy wieprzowej (LSM  $\pm$  SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=158)	Pbz (n=171)	Puławska (n=65)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	AA	26.28 $\pm$ 2.453	25.59 $\pm$ 2.340	18.44 $\pm$ 3.289 <sup>a</sup>	22.51 $\pm$ 1.550
	AC	28.26 $\pm$ 1.054	24.95 $\pm$ 1.205	18.47 $\pm$ 1.563 <sup>a</sup>	23.18 $\pm$ 0.767
	CC	27.33 $\pm$ 1.445	25.23 $\pm$ 1.351	22.87 $\pm$ 1.675 <sup>b</sup>	24.96 $\pm$ 0.895
Wytrzymałość (s)	AA	61.81 $\pm$ 7.103	72.89 $\pm$ 6.784	53.42 $\pm$ 10.42 <sup>a</sup>	63.87 $\pm$ 4.545 <sup>a</sup>
	AC	76.69 $\pm$ 3.053	70.43 $\pm$ 3.492	51.74 $\pm$ 4.952 <sup>a</sup>	63.81 $\pm$ 2.250 <sup>a</sup>
	CC	72.25 $\pm$ 4.184	71.68 $\pm$ 3.916	64.51 $\pm$ 5.306 <sup>b</sup>	69.09 $\pm$ 2.625 <sup>b</sup>
Jędrność (g)	AA	78.11 $\pm$ 5.261	73.80 $\pm$ 4.692	69.27 $\pm$ 6.470	73.29 $\pm$ 3.154 <sup>a</sup>
	AC	82.26 $\pm$ 2.262	78.33 $\pm$ 2.416	73.93 $\pm$ 3.075	77.72 $\pm$ 1.561 <sup>a</sup>
	CC	83.79 $\pm$ 3.099	80.51 $\pm$ 2.709	69.64 $\pm$ 3.294	78.52 $\pm$ 1.821 <sup>b</sup>
Wytrzymałość (g)	AA	193.2 $\pm$ 14.64	173.8 $\pm$ 11.95	163.1 $\pm$ 17.10	175.9 $\pm$ 8.380
	AC	198.9 $\pm$ 6.295	187.9 $\pm$ 6.155	170.7 $\pm$ 8.126	185.9 $\pm$ 4.147
	CC	195.3 $\pm$ 8.626	184.8 $\pm$ 6.902	168.5 $\pm$ 8.707	182.8 $\pm$ 4.839
Twardość	AA	8.362 $\pm$ 1.045	7.406 $\pm$ 0.913	7.303 $\pm$ 1.280	7.601 $\pm$ 0.621
	AC	8.606 $\pm$ 0.449	6.833 $\pm$ 0.470	6.219 $\pm$ 0.608	7.290 $\pm$ 0.307
	CC	8.404 $\pm$ 0.616	7.767 $\pm$ 0.527	7.212 $\pm$ 0.652	7.790 $\pm$ 0.358
Sprężystość	AA	0.702 $\pm$ 0.016	0.690 $\pm$ 0.014	0.684 $\pm$ 0.023	0.693 $\pm$ 0.010
	AC	0.701 $\pm$ 0.007	0.688 $\pm$ 0.007	0.677 $\pm$ 0.011	0.689 $\pm$ 0.008
	CC	0.704 $\pm$ 0.009	0.672 $\pm$ 0.008	0.681 $\pm$ 0.012	0.684 $\pm$ 0.006
Spójność	AA	0.633 $\pm$ 0.016	0.637 $\pm$ 0.014	0.604 $\pm$ 0.021 <sup>a</sup>	0.631 $\pm$ 0.009
	AC	0.638 $\pm$ 0.007	0.624 $\pm$ 0.007	0.626 $\pm$ 0.010 <sup>a</sup>	0.621 $\pm$ 0.005
	CC	0.649 $\pm$ 0.009	0.629 $\pm$ 0.008	0.627 $\pm$ 0.011 <sup>b</sup>	0.626 $\pm$ 0.005
Żujność	AA	3.988 $\pm$ 0.544	3.353 $\pm$ 0.448	3.126 $\pm$ 0.658	3.488 $\pm$ 0.314
	AC	3.932 $\pm$ 0.234	3.074 $\pm$ 0.231	2.819 $\pm$ 0.313	3.292 $\pm$ 0.155
	CC	4.101 $\pm$ 0.321	3.366 $\pm$ 0.259	3.227 $\pm$ 0.335	3.555 $\pm$ 0.181
Odbojność	AA	0.274 $\pm$ 0.010	0.275 $\pm$ 0.008	0.256 $\pm$ 0.013	0.271 $\pm$ 0.006
	AC	0.277 $\pm$ 0.004	0.266 $\pm$ 0.004	0.268 $\pm$ 0.006	0.270 $\pm$ 0.003
	CC	0.280 $\pm$ 0.006	0.258 $\pm$ 0.004	0.266 $\pm$ 0.007	0.267 $\pm$ 0.003

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>); s - surowe, g - gotowane

Analiza jędrności mięsa gotowanego wykazała, że wśród całej populacji badanych świń najwyższymi wartościami tego parametru charakteryzowały się świnię o genotypie homozygotycznym CC ( $78.52 \pm 1.821$ ), a najniższymi o genotypie homozygotycznym AA ( $73.29 \pm 3.154$ ).

Badany polimorfizm istotnie wpływał na spójność mięsa polędwicy u świń rasy puławskiej. Odnotowano, że osobniki homozygotyczne *CC* charakteryzowały się najwyższymi wartościami tego parametru ( $0.627 \pm 0.011$ ), a homozygotyczne *AA* najniższymi ( $0.604 \pm 0.021$ ).

#### **5.6.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)**

Badanie związku polimorfizmu SNP4 z parametrami tekstury mięsa polędwicy u świń wykazały istotny wpływ na następujące cechy: jędrność i wytrzymałość mięsa surowego oraz gotowanego i odbojność (Tabela 31).

U rasy puławskiej oraz całej badanej populacji zauważono istotny ( $p \leq 0.05$ ) wpływ na jędrność mięsa surowego. Najwyższe wartości odnotowano u osobników heterozygotycznych *AT*, a najniższe u osobników homozygotycznych *AA*.

Wytrzymałość mięsa surowego miała istotne statystyczne powiązanie z genotypami *ACTN3* u rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) i całej badanej populacji świń ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższe wartości wytrzymałości mięsa zauważono u osobników heterozygotycznych *AT*, najniższe u osobników homozygotycznych *TT*.

Parametr jędrności mięsa gotowanego był powiązany statystycznie z wariantami SNP4 ( $p \leq 0.05$ ) u rasy *pbz* i puławskiej. U obu ras najwyższe wartości odnotowano u świń o genotypie heterozygotycznym ( $93.65 \pm 4.402$  i  $74.25 \pm 3.813$ ). Najniższe wartości u rasy *pbz* zauważono u homozygot *TT* ( $78.80 \pm 3.052$ ), a u rasy puławskiej u homozygot *AA* ( $63.13 \pm 3.813$ ).

Wytrzymałość mięsa gotowanego była istotnie powiązana z genotypami na poziomie  $p \leq 0.05$  u rasy puławskiej i  $p \leq 0.01$  u całej badanej populacji świń. Najwyższymi wartościami w obu grupach charakteryzowały się świnię o genotypie heterozygotycznym *AT*, najniższymi homozygoty *TT*.

Odbojność miała istotne ( $p \leq 0.05$ ) powiązania z poszczególnymi wariantami tylko u rasy *pbz*. Najwyższymi wartościami odznaczały się heterozygoty *AT* ( $0.280 \pm 0.007$ ), najniższymi homozygoty *TT* ( $0.258 \pm 0.005$ ).

Tabela 31. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na wybrane parametry tekstury połówicy wieprzowej (LSM ± SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=158)	Pbz (n=171)	Puławska (n=65)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	AA	25.76 ± 1.240	22.80 ± 1.139 <sup>a</sup>	19.49 ± 2.002 <sup>a</sup>	22.54 ± 0.836 <sup>a</sup>
	AT	26.94 ± 1.854	26.12 ± 2.209 <sup>b</sup>	23.27 ± 2.002 <sup>b</sup>	24.67 ± 1.199 <sup>b</sup>
	TT	29.23 ± 1.300	24.10 ± 1.532 <sup>a</sup>	20.15 ± 1.790 <sup>a</sup>	22.69 ± 0.908 <sup>a</sup>
Wytrzymałość (s)	AA	77.79 ± 3.564	65.35 ± 3.334	54.93 ± 6.275 <sup>A</sup>	62.51 ± 2.454 <sup>A</sup>
	AT	75.56 ± 5.326	67.83 ± 6.466	62.42 ± 6.275 <sup>B</sup>	68.33 ± 3.519 <sup>b</sup>
	TT	79.32 ± 3.735	67.52 ± 4.483	54.91 ± 5.613 <sup>A</sup>	62.13 ± 2.664 <sup>a</sup>
Jędrność (g)	AA	86.79 ± 2.592	79.79 ± 2.270 <sup>a</sup>	63.13 ± 3.813 <sup>a</sup>	76.16 ± 1.706
	AT	85.24 ± 3.874	93.65 ± 4.402 <sup>b</sup>	74.25 ± 3.813 <sup>b</sup>	77.73 ± 2.446
	TT	86.87 ± 2.716	78.80 ± 3.052 <sup>a</sup>	68.37 ± 3.411 <sup>a</sup>	78.98 ± 1.852
Wytrzymałość (g)	AA	206.4 ± 7.040	184.5 ± 5.802	165.2 ± 10.06 <sup>a</sup>	175.9 ± 4.501 <sup>A</sup>
	AT	207.7 ± 10.52	183.6 ± 11.25	170.6 ± 10.06 <sup>b</sup>	187.8 ± 6.454 <sup>B</sup>
	TT	214.8 ± 7.378	186.3 ± 7.800	162.7 ± 8.996 <sup>a</sup>	170.6 ± 4.886 <sup>A</sup>
Twardość	AA	8.957 ± 0.517	7.868 ± 0.438	6.638 ± 0.765	7.452 ± 0.336
	AT	9.269 ± 0.772	6.118 ± 0.849	6.947 ± 0.765	7.481 ± 0.482
	TT	9.203 ± 0.542	6.733 ± 0.589	6.678 ± 0.684	7.599 ± 0.365
Sprężystość	AA	0.683 ± 0.008	0.688 ± 0.007	0.675 ± 0.014	0.683 ± 0.005
	AT	0.717 ± 0.012	0.682 ± 0.013	0.686 ± 0.014	0.695 ± 0.007
	TT	0.716 ± 0.008	0.670 ± 0.009	0.678 ± 0.012	0.689 ± 0.006
Spójność	AA	0.631 ± 0.008	0.625 ± 0.007	0.634 ± 0.013	0.628 ± 0.005
	AT	0.653 ± 0.012	0.629 ± 0.013	0.625 ± 0.013	0.634 ± 0.007
	TT	0.646 ± 0.008	0.605 ± 0.009	0.625 ± 0.011	0.625 ± 0.006
Żujność	AA	3.422 ± 0.268	2.471 ± 0.216	2.929 ± 0.391	3.309 ± 0.170
	AT	4.560 ± 0.400	2.872 ± 0.418	3.116 ± 0.391	3.546 ± 0.243
	TT	4.335 ± 0.280	2.942 ± 0.290	3.019 ± 0.350	3.453 ± 0.184
Odbojność	AA	0.272 ± 0.005	0.266 ± 0.004 <sup>a</sup>	0.272 ± 0.008	0.269 ± 0.003
	AT	0.282 ± 0.007	0.280 ± 0.007 <sup>b</sup>	0.261 ± 0.008	0.272 ± 0.004
	TT	0.281 ± 0.005	0.258 ± 0.005 <sup>a</sup>	0.265 ± 0.007	0.268 ± 0.003

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

## 5.7. Analiza związku badanych wariantów genu *ACTN3* z parametrami tekstury mięśnia półbłoniastego

### 5.7.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)

Analiza polimorfizmu i parametrów tekstury mięśnia półbłoniastego u świń wykazała istotne statystycznie powiązania dla cech: jędrność i wytrzymałość mięsa surowego oraz gotowanego, twardość i sprężystość (Tabela 32).

U rasy wbp i puławskiej oraz całej populacji zauważono istotne ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) statystycznie różnice wartości jędrności mięsa surowego. Najwyższe wartości u rasy puławskiej zauważono dla osobników heterozygotycznych *CT* ( $24.15 \pm 0.929$ ), natomiast u rasy wbp i całej populacji dla osobników homozygotycznych *CC* ( $26.04 \pm 0.733$  i  $24.70 \pm$

0.473). Najniższymi wartościami u świń rasy wbp, puławskiej i całej populacji badanych świń charakteryzowały się homozygoty *TT* ( $22.86 \pm 1.457$ ,  $21.75 \pm 2.351$  i  $23.55 \pm 0.976$ ).

Wytrzymałość mięsa surowego była istotnie skorelowana z wariantami *ACTN3* u wszystkich badanych ras i całej populacji świń na różnym poziomie istotności ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ). Najwyższą wartość tego parametru odnotowano u osobników heterozygotycznych *CT* rasy wbp, pbz i całej populacji świń. U rasy puławskiej najwyższe wartości stwierdzono u homozygot *CC*. Najniższe wartości tego parametru stwierdzono u świń o genotypie homozygotycznym *TT* u wszystkich powyższych grup.

Tabela 32. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM  $\pm$  SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=153)	Pbz (n=174)	Puławska (n=67)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	<i>CC</i>	$26.04 \pm 0.733^a$	$24.40 \pm 0.668$	$23.32 \pm 0.960^A$	$24.70 \pm 0.473^a$
	<i>CT</i>	$25.80 \pm 0.887^a$	$23.90 \pm 0.950$	$24.15 \pm 0.929^A$	$24.37 \pm 0.555^a$
	<i>TT</i>	$22.86 \pm 1.457^b$	$23.33 \pm 1.516$	$21.75 \pm 2.351^B$	$23.55 \pm 0.976^b$
Wytrzymałość (s)	<i>CC</i>	$76.31 \pm 2.587^a$	$72.54 \pm 2.461^a$	$69.43 \pm 3.083^A$	$72.55 \pm 1.688^a$
	<i>CT</i>	$76.74 \pm 3.129^a$	$73.25 \pm 3.497^a$	$68.44 \pm 2.985^A$	$72.87 \pm 1.982^a$
	<i>TT</i>	$74.10 \pm 5.141^b$	$70.50 \pm 5.585^b$	$63.67 \pm 7.553^B$	$70.45 \pm 3.485^b$
Jędrność (g)	<i>CC</i>	$89.72 \pm 2.686$	$86.64 \pm 2.219$	$85.29 \pm 3.939^A$	$87.04 \pm 1.686^a$
	<i>CT</i>	$86.30 \pm 3.248$	$85.38 \pm 3.153$	$83.04 \pm 3.814^A$	$84.01 \pm 1.981^a$
	<i>TT</i>	$83.91 \pm 5.338$	$85.11 \pm 5.035$	$67.02 \pm 9.650^B$	$80.12 \pm 3.482^b$
Wytrzymałość (g)	<i>CC</i>	$215.6 \pm 7.069$	$207.0 \pm 5.060$	$199.2 \pm 8.356^A$	$206.3 \pm 4.063^a$
	<i>CT</i>	$221.7 \pm 8.550$	$204.1 \pm 7.191$	$194.1 \pm 8.090^A$	$206.7 \pm 4.773^a$
	<i>TT</i>	$222.6 \pm 14.05$	$210.4 \pm 11.48$	$165.2 \pm 20.47^B$	$200.7 \pm 8.390^b$
Twardość	<i>CC</i>	$11.24 \pm 0.516^a$	$9.895 \pm 0.469$	$9.844 \pm 0.711^a$	$10.35 \pm 0.335$
	<i>CT</i>	$10.86 \pm 0.625^{ab}$	$9.359 \pm 0.667$	$9.975 \pm 0.688^a$	$10.04 \pm 0.394$
	<i>TT</i>	$10.46 \pm 1.026^b$	$10.79 \pm 1.065$	$8.777 \pm 1.741^b$	$10.30 \pm 0.692$
Sprężystość	<i>CC</i>	$0.721 \pm 0.012$	$0.778 \pm 0.009$	$0.713 \pm 0.014^a$	$0.713 \pm 0.007$
	<i>CT</i>	$0.678 \pm 0.014$	$0.737 \pm 0.012$	$0.703 \pm 0.014^a$	$0.706 \pm 0.008$
	<i>TT</i>	$0.729 \pm 0.023$	$0.745 \pm 0.019$	$0.746 \pm 0.034^b$	$0.718 \pm 0.014$
Spójność	<i>CC</i>	$0.709 \pm 0.056$	$0.613 \pm 0.008$	$0.617 \pm 0.014$	$0.638 \pm 0.023$
	<i>CT</i>	$0.681 \pm 0.068$	$0.622 \pm 0.011$	$0.628 \pm 0.014$	$0.628 \pm 0.027$
	<i>TT</i>	$0.649 \pm 0.112$	$0.626 \pm 0.018$	$0.632 \pm 0.035$	$0.632 \pm 0.048$
Żujność	<i>CC</i>	$5.128 \pm 0.265$	$4.464 \pm 0.239$	$4.540 \pm 0.400$	$4.695 \pm 0.173$
	<i>CT</i>	$5.101 \pm 0.321$	$4.497 \pm 0.340$	$4.538 \pm 0.387$	$4.709 \pm 0.204$
	<i>TT</i>	$4.932 \pm 0.527$	$4.183 \pm 0.543$	$4.230 \pm 0.979$	$4.899 \pm 0.358$
Odbojność	<i>CC</i>	$0.269 \pm 0.005$	$0.256 \pm 0.004$	$0.253 \pm 0.007$	$0.259 \pm 0.003$
	<i>CT</i>	$0.268 \pm 0.006$	$0.268 \pm 0.006$	$0.257 \pm 0.007$	$0.262 \pm 0.004$
	<i>TT</i>	$0.278 \pm 0.010$	$0.260 \pm 0.010$	$0.256 \pm 0.018$	$0.267 \pm 0.007$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

Jędrność mięsa gotowanego była istotnie powiązana z poszczególnymi genotypami u rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) i całej badanej populacji ( $p \leq 0.05$ ). W obydwu grupach.

najwyższymi wartościami charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC*, a najniższymi homozygotyczne *TT*

Korelacje dla wytrzymałości mięsa gotowanego odnotowano u rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) i całej analizowanej populacji świń ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższą wartość tego parametru stwierdzono u homozygot *CC* rasy puławskiej i heterozygot *CT* całej badanej populacji. Najniższą wartość zaobserwowano u homozygot *TT* obu badanych grup.

Cechy twardości i sprężystości miały istotne ( $p \leq 0.05$ ) statystycznie powiązania u rasy puławskiej. Najwyższą twardością ( $9.975 \pm 0.688$ ) mięsa charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *CT*, najniższą homozygotyczne *TT* ( $8.777 \pm 1.741$ ). Najwyższą sprężystością mięsa odznaczały się homozygoty *TT* ( $0.746 \pm 0.034$ ), najniższą heterozygoty *CT* ( $0.703 \pm 0.014$ ).

### **5.7.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)**

Istotne powiązania badanego polimorfizmu z cechami tekstury mięśnia półbłoniastego odnotowano dla jędrności mięsa surowego i gotowanego, wytrzymałości mięsa gotowanego, sprężystości, spójności i żujności (Tabela 33).

Jędrność mięsa surowego miała istotne ( $p \leq 0.05$ ) statystycznie powiązania z genotypami u rasy puławskiej. Najwyższą jędrnością ( $24.50 \pm 1.069$ ) charakteryzowały się heterozygoty *CT*, a najniższą homozygoty *TT* ( $21.25 \pm 3.025$ ).

Jędrność mięsa gotowanego różniła się statystycznie istotnie ( $p \leq 0.05$ ) u rasy puławskiej i całej populacji świń. W obu przypadkach najwyższy poziom tej cechy zauważono u homozygot *CC*, a najniższy u homozygot *TT*.

Najwyższą wytrzymałością ( $p \leq 0.05$ ) mięsa gotowanego u rasy puławskiej cechowały się homozygoty *CC* ( $195.8 \pm 7.361$ ), najniższą homozygoty *TT* ( $188.1 \pm 26.88$ ).

Zauważono istotny ( $p \leq 0.05$ ) wpływ polimorfizmu na sprężystość mięsa u rasy wbp. Najwyższymi, takimi samymi wartościami charakteryzowały się osobniki o genotypie *CC* i *CT* ( $0.709 \pm 0.014$  i  $0.709 \pm 0.012$ ), najniższymi homozygoty *TT* ( $0.694 \pm 0.022$ ).

Spójność mięsa była istotnie statystycznie skorelowana z genotypami u ras wbp ( $p \leq 0.01$ ), puławskiej i całej populacji ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższą wartość odnotowano dla heterozygot *CT* rasy wbp ( $0.719 \pm 0.064$ ), homozygot *TT* rasy puławskiej ( $0.661 \pm 0.044$ ) oraz homozygot *CC* wśród całej analizowanej populacji ( $0.669 \pm 0.023$ ).

Najniższymi wartościami charakteryzowały się homozygoty *TT* rasy wbp ( $0.629 \pm 0.106$ ) i osobniki wszystkich ras ( $0.626 \pm 0.058$ ) oraz heterozygoty *CT* rasy puławskiej ( $0.613 \pm 0.016$ ).

Istotnie statystycznie różnice ( $p \leq 0.05$ ) żujności mięsa w zależności od wariantu *ACTN3* stwierdzono w przypadku analizy całej populacji świń. Najwyższymi wartościami ( $5.881 \pm 0.424$ ) odznaczały się osobniki o genotypie *TT*, a najniższymi ( $4.584 \pm 0.169$ ) osobniki o genotypie *CC*.

Tabela 33. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM  $\pm$  SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=153)	Pbz (n=174)	Puławska (n=67)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	<i>CC</i>	26.15 $\pm$ 0.841	23.65 $\pm$ 0.635	23.23 $\pm$ 0.828 <sup>a</sup>	24.27 $\pm$ 0.466
	<i>CT</i>	25.21 $\pm$ 0.773	25.19 $\pm$ 0.919	24.50 $\pm$ 1.069 <sup>a</sup>	24.79 $\pm$ 0.549
	<i>TT</i>	25.57 $\pm$ 1.389	23.77 $\pm$ 2.552	21.25 $\pm$ 3.025 <sup>b</sup>	24.13 $\pm$ 1.169
Wytrzymałość (s)	<i>CC</i>	79.44 $\pm$ 2.929	75.77 $\pm$ 2.338	69.48 $\pm$ 2.649	71.96 $\pm$ 1.660
	<i>CT</i>	72.15 $\pm$ 2.693	76.09 $\pm$ 3.382	71.33 $\pm$ 3.420	72.30 $\pm$ 1.957
	<i>TT</i>	80.25 $\pm$ 4.838	76.06 $\pm$ 9.392	70.46 $\pm$ 9.674	71.64 $\pm$ 4.165
Jędrność (g)	<i>CC</i>	88.81 $\pm$ 3.098	85.51 $\pm$ 2.110	84.11 $\pm$ 3.480 <sup>a</sup>	85.98 $\pm$ 1.662 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	89.08 $\pm$ 2.848	84.02 $\pm$ 3.053	81.56 $\pm$ 4.492 <sup>a</sup>	85.09 $\pm$ 1.959 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	89.67 $\pm$ 5.116	86.93 $\pm$ 8.479	76.38 $\pm$ 12.71 <sup>b</sup>	78.16 $\pm$ 4.170 <sup>b</sup>
Wytrzymałość (g)	<i>CC</i>	214.2 $\pm$ 8.093	203.5 $\pm$ 4.791	195.8 $\pm$ 7.361 <sup>a</sup>	208.8 $\pm$ 3.995
	<i>CT</i>	214.2 $\pm$ 7.440	209.0 $\pm$ 6.930	192.3 $\pm$ 9.502 <sup>a</sup>	209.9 $\pm$ 4.709
	<i>TT</i>	213.0 $\pm$ 13.37	207.4 $\pm$ 19.25	188.1 $\pm$ 26.88 <sup>b</sup>	209.2 $\pm$ 10.02
Twardość	<i>CC</i>	10.87 $\pm$ 0.588	9.403 $\pm$ 0.443	10.42 $\pm$ 0.605	10.05 $\pm$ 0.327
	<i>CT</i>	10.65 $\pm$ 0.540	10.28 $\pm$ 0.640	8.835 $\pm$ 0.782	10.08 $\pm$ 0.386
	<i>TT</i>	10.55 $\pm$ 0.971	13.28 $\pm$ 1.778	9.893 $\pm$ 2.211	10.17 $\pm$ 0.822
Sprężystość	<i>CC</i>	0.709 $\pm$ 0.014 <sup>a</sup>	0.707 $\pm$ 0.008	0.713 $\pm$ 0.012	0.706 $\pm$ 0.007
	<i>CT</i>	0.709 $\pm$ 0.012 <sup>a</sup>	0.702 $\pm$ 0.012	0.708 $\pm$ 0.016	0.721 $\pm$ 0.008
	<i>TT</i>	0.694 $\pm$ 0.022 <sup>b</sup>	0.703 $\pm$ 0.032	0.708 $\pm$ 0.045	0.719 $\pm$ 0.017
Spójność	<i>CC</i>	0.719 $\pm$ 0.064 <sup>A</sup>	0.613 $\pm$ 0.007	0.626 $\pm$ 0.012 <sup>a</sup>	0.669 $\pm$ 0.023 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	0.726 $\pm$ 0.059 <sup>A</sup>	0.639 $\pm$ 0.011	0.613 $\pm$ 0.016 <sup>a</sup>	0.671 $\pm$ 0.027 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	0.629 $\pm$ 0.106 <sup>B</sup>	0.660 $\pm$ 0.030	0.661 $\pm$ 0.044 <sup>b</sup>	0.626 $\pm$ 0.058 <sup>b</sup>
Żujność	<i>CC</i>	5.052 $\pm$ 0.301	4.248 $\pm$ 0.223	4.767 $\pm$ 0.341	4.584 $\pm$ 0.169 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	4.889 $\pm$ 0.277	4.885 $\pm$ 0.322	4.038 $\pm$ 0.441	4.686 $\pm$ 0.199 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	5.062 $\pm$ 0.498	5.003 $\pm$ 0.895	4.998 $\pm$ 1.247	5.881 $\pm$ 0.424 <sup>b</sup>
Odbojność	<i>CC</i>	0.269 $\pm$ 0.006	0.254 $\pm$ 0.004	0.254 $\pm$ 0.006	0.255 $\pm$ 0.003
	<i>CT</i>	0.273 $\pm$ 0.005	0.269 $\pm$ 0.006	0.255 $\pm$ 0.008	0.268 $\pm$ 0.004
	<i>TT</i>	0.270 $\pm$ 0.009	0.279 $\pm$ 0.017	0.288 $\pm$ 0.023	0.271 $\pm$ 0.008

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

### 5.7.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Analiza zależności polimorfizmu SNP3 z wybranymi parametrami tekstury mięsa szynki u świń nie wykazała istotnych korelacji (Tabela 34).

Tabela 34. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM ± SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=153)	Pbz (n=174)	Puławska (n=67)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	AA	26.10 ± 1.583	25.18 ± 1.444	25.66 ± 1.979	25.45 ± 0.960
	AC	25.74 ± 0.708	24.23 ± 0.748	22.98 ± 0.911	24.44 ± 0.477
	CC	25.28 ± 0.914	23.69 ± 0.810	23.82 ± 1.008	24.17 ± 0.545
Wytrzymałość (s)	AA	78.67 ± 5.575	75.45 ± 5.320	72.70 ± 6.379	75.36 ± 3.424
	AC	76.05 ± 2.493	72.85 ± 2.755	67.43 ± 2.938	72.31 ± 1.700
	CC	75.55 ± 3.219	71.49 ± 2.982	68.79 ± 3.248	71.75 ± 1.945
Jędrność (g)	AA	85.61 ± 5.805	87.10 ± 4.809	93.24 ± 8.159	86.87 ± 3.430
	AC	90.50 ± 2.596	85.10 ± 2.491	78.87 ± 3.758	85.60 ± 1.703
	CC	87.81 ± 3.352	85.49 ± 2.696	85.02 ± 4.154	85.77 ± 1.948
Wytrzymałość (g)	AA	215.8 ± 15.22	204.0 ± 10.95	212.1 ± 17.44	206.9 ± 8.247
	AC	222.7 ± 6.805	207.0 ± 5.674	190.2 ± 8.031	207.7 ± 4.095
	CC	212.9 ± 8.785	206.9 ± 6.141	194.5 ± 8.879	204.7 ± 4.683
Twardość	AA	10.85 ± 1.116	10.55 ± 1.008	10.18 ± 1.464	10.56 ± 0.678
	AC	11.07 ± 0.499	10.40 ± 0.522	10.24 ± 0.674	10.56 ± 0.336
	CC	10.96 ± 0.644	8.958 ± 0.565	9.226 ± 0.745	9.684 ± 0.385
Sprężystość	AA	0.731 ± 0.024	0.699 ± 0.018	0.738 ± 0.029	0.679 ± 0.014
	AC	0.725 ± 0.011	0.736 ± 0.010	0.718 ± 0.013	0.720 ± 0.007
	CC	0.735 ± 0.014	0.710 ± 0.010	0.695 ± 0.015	0.714 ± 0.008
Spójność	AA	0.642 ± 0.121	0.595 ± 0.017	0.639 ± 0.029	0.617 ± 0.047
	AC	0.695 ± 0.054	0.629 ± 0.009	0.618 ± 0.013	0.651 ± 0.024
	CC	0.638 ± 0.070	0.625 ± 0.009	0.627 ± 0.015	0.629 ± 0.027
Żujność	AA	5.011 ± 0.571	4.434 ± 0.511	5.031 ± 0.816	4.712 ± 0.351
	AC	5.034 ± 0.255	5.010 ± 0.265	4.754 ± 0.376	4.925 ± 0.174
	CC	5.218 ± 0.330	4.064 ± 0.287	4.091 ± 0.416	4.454 ± 0.199
Odbojność	AA	0.274 ± 0.011	0.250 ± 0.010	0.262 ± 0.015	0.260 ± 0.007
	AC	0.263 ± 0.005	0.260 ± 0.005	0.255 ± 0.007	0.259 ± 0.003
	CC	0.272 ± 0.006	0.262 ± 0.005	0.255 ± 0.008	0.263 ± 0.004

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane

### 5.7.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)

Badany polimorfizm był statystycznie istotnie powiązany z jędrnością i wytrzymałością surowego oraz gotowanego mięsa i odbojnością (Tabela 35).

Jędrność i wytrzymałość mięsa surowego była istotnie ( $p \leq 0.05$ ) powiązana z genotypami u rasy wbp oraz w całej populacji świń. Najwyższe wartości tego parametru odnotowano dla osobników heterozygotycznych AT ( $26.93 \pm 1.093$ ) rasy wbp co znalazło

odzwierciedlenie również w całej populacji ( $28.10 \pm 0.719$ ). Najniższe wartości zaobserwowano u homozygot *TT* w obu grupach ( $23.99 \pm 0.905$  i  $24.21 \pm 0.583$ ).

Wytrzymałość na najwyższym poziomie charakteryzowała heterozygoty *AT*, najniższym poziomem tego parametru charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *AA*.

Jędrność mięsa gotowanego była istotnie ( $p \leq 0.05$ ) zróżnicowana u rasy wbp i całej populacji. Jej najwyższą wartością charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *AT*, a najniższą homozygoty *AA*.

Wytrzymałość mięsa gotowanego była istotnie skorelowana u rasy wbp ( $p \leq 0.01$ ) i wśród całej populacji ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższe wartości tej cechy zaobserwowano u osobników heterozygotycznych *AT*, najniższe zaś u homozygot *AA*.

Tabela 35. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM  $\pm$  SE)

Parametry tekstury	Genotyp	Wbp (n=153)	Pbz (n=174)	Puławska (n=67)	Cała populacja (n=394)
Jędrność (s)	<i>AA</i>	24.67 $\pm$ 0.790 <sup>a</sup>	24.32 $\pm$ 0.677	24.62 $\pm$ 1.146	24.31 $\pm$ .510 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	26.93 $\pm$ 1.093 <sup>b</sup>	24.75 $\pm$ 1.304	23.11 $\pm$ 1.205	28.10 $\pm$ .719 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	23.99 $\pm$ 0.905 <sup>a</sup>	23.38 $\pm$ 0.988	23.15 $\pm$ 1.011	24.21 $\pm$ .583 <sup>a</sup>
Wytrzymałość (s)	<i>AA</i>	73.15 $\pm$ 2.777 <sup>a</sup>	73.40 $\pm$ 2.492	67.86 $\pm$ 3.689	71.60 $\pm$ 1.818 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	82.13 $\pm$ 3.843 <sup>b</sup>	74.70 $\pm$ 4.795	67.13 $\pm$ 3.878	75.36 $\pm$ 2.564 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	76.06 $\pm$ 3.184 <sup>a</sup>	69.82 $\pm$ 3.635	70.03 $\pm$ 3.253	71.63 $\pm$ 2.079 <sup>a</sup>
Jędrność (g)	<i>AA</i>	87.32 $\pm$ 2.916 <sup>a</sup>	84.76 $\pm$ 2.252	87.36 $\pm$ 4.767	85.23 $\pm$ 1.822 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	93.52 $\pm$ 4.035 <sup>b</sup>	84.29 $\pm$ 4.334	82.21 $\pm$ 5.012	87.16 $\pm$ 2.569 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	88.29 $\pm$ 3.342 <sup>a</sup>	87.81 $\pm$ 3.285	79.79 $\pm$ 4.204	85.67 $\pm$ 2.083 <sup>a</sup>
Wytrzymałość (g)	<i>AA</i>	210.9 $\pm$ 7.572 <sup>A</sup>	204.8 $\pm$ 5.125	198.0 $\pm$ 10.04	203.7 $\pm$ 4.377 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	273.9 $\pm$ 10.48 <sup>B</sup>	202.4 $\pm$ 9.862	189.9 $\pm$ 10.55	212.3 $\pm$ 6.172 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	215.6 $\pm$ 8.679 <sup>A</sup>	212.7 $\pm$ 7.475	188.8 $\pm$ 8.852	206.3 $\pm$ 5.005 <sup>a</sup>
Twardość	<i>AA</i>	10.98 $\pm$ 0.559	10.10 $\pm$ 0.477	8.76 $\pm$ 0.801	10.60 $\pm$ 0.360
	<i>AT</i>	11.74 $\pm$ 0.774	9.727 $\pm$ 0.918	8.974 $\pm$ 0.842	10.31 $\pm$ 0.508
	<i>TT</i>	10.55 $\pm$ 0.641	9.364 $\pm$ 0.696	8.921 $\pm$ 0.706	9.674 $\pm$ 0.412
Sprężystość	<i>AA</i>	0.720 $\pm$ 0.013	0.720 $\pm$ 0.009	0.725 $\pm$ 0.017	0.719 $\pm$ 0.007
	<i>AT</i>	0.710 $\pm$ 0.018	0.726 $\pm$ 0.017	0.718 $\pm$ 0.018	0.718 $\pm$ 0.010
	<i>TT</i>	0.688 $\pm$ 0.015	0.721 $\pm$ 0.013	0.695 $\pm$ 0.015	0.702 $\pm$ 0.008
Spójność	<i>AA</i>	0.628 $\pm$ 0.061	0.625 $\pm$ 0.008	0.635 $\pm$ 0.017	0.625 $\pm$ 0.025
	<i>AT</i>	0.638 $\pm$ 0.084	0.626 $\pm$ 0.015	0.619 $\pm$ 0.018	0.625 $\pm$ 0.035
	<i>TT</i>	0.649 $\pm$ 0.070	0.616 $\pm$ 0.012	0.618 $\pm$ 0.015	0.667 $\pm$ 0.029
Żujność	<i>AA</i>	5.095 $\pm$ 0.285	4.705 $\pm$ 0.243	4.516 $\pm$ 0.453	4.931 $\pm$ 0.186
	<i>AT</i>	5.012 $\pm$ 0.395	4.560 $\pm$ 0.468	4.260 $\pm$ 0.476	4.891 $\pm$ 0.262
	<i>TT</i>	4.934 $\pm$ 0.327	4.239 $\pm$ 0.355	3.918 $\pm$ 0.399	4.334 $\pm$ 0.213
Odbojność	<i>AA</i>	0.265 $\pm$ 0.005 <sup>a</sup>	0.263 $\pm$ 0.005	0.262 $\pm$ 0.009	0.263 $\pm$ 0.004
	<i>AT</i>	0.281 $\pm$ 0.008 <sup>b</sup>	0.262 $\pm$ 0.009	0.259 $\pm$ 0.009	0.264 $\pm$ 0.005
	<i>TT</i>	0.267 $\pm$ 0.006 <sup>a</sup>	0.252 $\pm$ 0.007	0.249 $\pm$ 0.008	0.256 $\pm$ 0.004

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>); s - surowe, g - gotowane



Ostatnim parametrem istotnie ( $p \leq 0.05$ ) powiązonym z badanym polimorfizmem była odbojność u świń rasy wbp, której najwyższą wartość ( $0.281 \pm 0.008$ ) odnotowano dla genotypu *AT*, a najniższą ( $0.265 \pm 0.005$ ) reprezentowały homozygoty *AA*.

## 5.8. Analiza związku badanych wariantów genu *ACTN3* z parametrami składu włókien mięśniowych u świń

### 5.8.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)

Analiza związku między badanym polimorfizmem a składem procentowym i średnicą włókien mięśniowych wykazała istotne zależności z parametrami PRI, PRIIB, FI oraz FIIB (Tabela 36).

Polimorfizm miał wpływ na PRI na różnym poziomie istotności ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) u ras wbp i puławska oraz w całej badanej populacji świń. Wśród rasy puławskiej i całej populacji świń najwyższą wartość parametru odnotowano dla osobników o genotypie *CC* ( $11.58 \pm 0.653$  i  $12.41 \pm 0.378$ ), natomiast u rasy wbp najwyższą wartością odznaczały się świnię o genotypie *CT* ( $12.75 \pm 0.675$ ). Najniższe wartości PRI odnotowano wśród każdej z grup u osobników homozygotycznych *TT*.

Tabela 36. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP1) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM  $\pm$  SE)

Parametry włókien mięśniowych	Genotyp	Wbp (n=137)	Pbz (n=99)	Puławska (n=92)	Cała populacja (n=328)
PRI	<i>CC</i>	$12.67 \pm 0.595^a$	$13.07 \pm 0.703$	$11.58 \pm 0.653^a$	$12.41 \pm 0.378^A$
	<i>CT</i>	$12.75 \pm 0.675^a$	$12.51 \pm 0.727$	$11.02 \pm 0.597^a$	$12.11 \pm 0.387^A$
	<i>TT</i>	$11.36 \pm 1.148^b$	$12.52 \pm 1.705$	$8.338 \pm 2.066^b$	$10.99 \pm 0.860^B$
PRIIA	<i>CC</i>	$17.89 \pm 0.814$	$17.23 \pm 0.653$	$15.01 \pm 0.744$	$16.75 \pm 0.451$
	<i>CT</i>	$18.30 \pm 0.923$	$17.13 \pm 0.675$	$16.21 \pm 0.679$	$17.23 \pm 0.461$
	<i>TT</i>	$16.65 \pm 1.570$	$18.20 \pm 1.583$	$15.31 \pm 2.353$	$16.37 \pm 1.025$
PRIIB	<i>CC</i>	$69.43 \pm 1.331^a$	$69.69 \pm 0.992$	$73.41 \pm 1.041^a$	$70.92 \pm 0.709^a$
	<i>CT</i>	$67.03 \pm 1.511^a$	$70.36 \pm 1.025$	$72.77 \pm 0.950^a$	$69.99 \pm 0.725^a$
	<i>TT</i>	$71.99 \pm 2.568^b$	$69.28 \pm 2.404$	$76.35 \pm 3.291^b$	$72.86 \pm 1.612^b$
FI	<i>CC</i>	$57.73 \pm 1.140^a$	$59.00 \pm 1.116$	$59.36 \pm 1.580^A$	$58.66 \pm 0.735^a$
	<i>CT</i>	$58.45 \pm 1.294^a$	$58.77 \pm 1.154$	$59.61 \pm 1.443^A$	$58.96 \pm 0.752^a$
	<i>TT</i>	$56.83 \pm 2.199^b$	$59.48 \pm 2.705$	$54.42 \pm 4.997^B$	$57.59 \pm 1.671^b$
FIIA	<i>CC</i>	$60.84 \pm 1.251$	$60.47 \pm 1.402$	$60.32 \pm 1.504$	$60.51 \pm 0.802$
	<i>CT</i>	$60.09 \pm 1.420$	$60.90 \pm 1.449$	$58.90 \pm 1.373$	$59.95 \pm 0.821$
	<i>TT</i>	$58.86 \pm 2.414$	$62.27 \pm 3.398$	$51.19 \pm 4.755$	$58.53 \pm 1.823$
FIIB	<i>CC</i>	$76.63 \pm 1.636^A$	$77.11 \pm 1.406^A$	$76.24 \pm 1.600^A$	$76.61 \pm 0.930^A$
	<i>CT</i>	$76.38 \pm 1.857^A$	$76.74 \pm 1.454^A$	$75.09 \pm 1.460^A$	$76.07 \pm 0.952^A$
	<i>TT</i>	$72.22 \pm 3.156^B$	$72.22 \pm 3.409^B$	$68.46 \pm 5.059^B$	$71.68 \pm 2.116^B$

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>)

PRIIB istotnie ( $p \leq 0.05$ ) korelowało z wariantami *ACTN3* u ras wbp i puławskiej oraz całej badanej populacji świń. Najwyższe wartości zauważono u homozygot *TT* dla każdej powyższej grupy. Najniższymi wartościami PRIIB charakteryzowały się heterozygoty *CT*.

Kolejną istotną ( $p \leq 0.01$  i  $p \leq 0.05$ ) zależność wykazano dla parametru FI u rasy wbp, puławskiej i całej badanej populacji. Najwyższą jego wartość zanotowano u osobników heterozygotycznych *CT* dla każdej z grupy, zaś najniższą u homozygotycznych *TT*.

Ostatnim istotnie ( $p \leq 0.01$ ) korelującym parametrem był FIIB u każdej z badanej rasy (wbp, pbz, puławska) oraz w całej badanej populacji świń. Najwyższą wartością tego parametru charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC*, najniższymi wartościami odznaczały się zwierzęta o genotypie homozygotycznym *TT*.

### 5.8.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

W odniesieniu do analizowanego polimorfizmu u osobników rasy pbz zidentyfikowano tylko dwa genotypy: homozygotyczny *CC* oraz heterozygotyczny *CT*. U ras wbp i puławska zaobserwowano obecność 3 genotypów (Tabela 37).

Badany polimorfizm istotnie wpływał na FI u rasy wbp ( $p \leq 0,05$ ), u rasy puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) oraz u osobników wszystkich ras analizowanych łącznie ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższe wartości dla każdej z tych grup odnotowano u zwierząt o genotypie homozygotycznym *CC*, najniższe zaś u homozygot *TT*.

Wykazano również istotny ( $p \leq 0.05$ ) związek badanego polimorfizmu z FIIA u rasy wbp i całej analizowanej populacji świń. Świnie rasy wbp o genotypie *CC* odznaczały się najwyższą wartością tego parametru ( $60.83 \pm 1.446$ ), co znalazło również potwierdzenie przy analizie całej badanej populacji świń ( $60.58 \pm 0.758$ ). Najniższymi wartościami charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *TT* wśród obu tych grup ( $58.42 \pm 2.087$  i  $58.32 \pm 1.958$ ).

Ostatnim parametrem, który wykazał istotną ( $p \leq 0.05$ ) zależność statyczną był FIIB u rasy wbp, puławska i wśród całej badanej populacji świń. Najwyższe wartości tego parametru odnotowano u osobników homozygotycznych *CC* (wbp i cała populacja) oraz heterozygotycznych *CT* (puławska). Najniższymi wartościami FIIB wśród każdej z grup charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *TT*.

Tabela 37. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP2) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM ± SE)

Parametry włókien mięśniowych	Genotyp	Wbp (n=137)	Pbz (n=99)	Puławska (n=92)	Cała populacja (n=328)
PRI	<i>CC</i>	13.10 ± 0.683	12.68 ± 0.605	10.98 ± 0.556	12.23 ± 0.359
	<i>CT</i>	11.69 ± 0.608	12.94 ± 0.801	10.63 ± 0.736	11.92 ± 0.414
	<i>TT</i>	13.53 ± 0.985	-	9.680 ± 2.081	12.83 ± 0.926
PRIIA	<i>CC</i>	18.91 ± 0.936	17.41 ± 0.562	15.52 ± 0.633	17.25 ± 0.426
	<i>CT</i>	16.96 ± 0.834	17.01 ± 0.743	15.79 ± 0.838	16.44 ± 0.493
	<i>TT</i>	18.17 ± 1.351	-	16.28 ± 2.370	17.22 ± 1.100
PRIIB	<i>CC</i>	67.98 ± 1.554	69.91 ± 0.854	73.50 ± 0.883	70.49 ± 0.673
	<i>CT</i>	69.76 ± 1.385	70.05 ± 1.129	72.58 ± 1.168	70.99 ± 0.778
	<i>TT</i>	68.30 ± 2.243	-	74.04 ± 3.304	70.33 ± 1.739
FI	<i>CC</i>	58.79 ± 1.318 <sup>a</sup>	59.45 ± 0.956	60.89 ± 1.302 <sup>A</sup>	59.72 ± 0.690 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	57.51 ± 1.174 <sup>a</sup>	58.05 ± 1.264	57.57 ± 1.772 <sup>A</sup>	57.75 ± 0.798 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	56.18 ± 1.902 <sup>b</sup>	-	50.77 ± 4.871 <sup>B</sup>	56.32 ± 1.783 <sup>b</sup>
FIIA	<i>CC</i>	60.83 ± 1.446 <sup>a</sup>	61.25 ± 1.204	59.63 ± 1.292	60.58 ± 0.758 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	60.59 ± 1.288 <sup>a</sup>	60.02 ± 1.592	59.33 ± 1.710	59.75 ± 0.876 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	58.42 ± 2.087 <sup>b</sup>	-	57.65 ± 4.836	58.32 ± 1.958 <sup>b</sup>
FIIIB	<i>CC</i>	76.53 ± 1.902 <sup>a</sup>	76.49 ± 1.220	76.18 ± 1.357 <sup>a</sup>	76.39 ± 0.885 <sup>a</sup>
	<i>CT</i>	76.11 ± 1.694 <sup>a</sup>	76.66 ± 1.613	76.93 ± 1.795 <sup>a</sup>	75.65 ± 1.023 <sup>a</sup>
	<i>TT</i>	73.35 ± 2.745 <sup>b</sup>	-	72.21 ± 5.078 <sup>b</sup>	74.30 ± 2.287 <sup>b</sup>

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

### 5.8.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)

Wykazano istotny związek badanego polimorfizmu u rasy puławskiej z parametrami takimi jak: PRI, PRIIB, FI oraz FIIIB ( $p \leq 0,05$ ) (Tabela 38).

PRI miało najwyższą wartość ( $13.58 \pm 1.448$ ) u świń o genotypie AA, a najniższą ( $10.51 \pm 0.632$ ) u homozygot *CC*.

Najwyższa wartość PRIIB charakteryzowała osobniki homozygotyczne AA ( $73.57 \pm 2.322$ ), a najniższa homozygotyczne *CC* ( $70.74 \pm 1.013$ ).

FI poza rasą puławską miało istotne statystycznie ( $p \leq 0,05$ ) powiązanie z genotypami *ACTN3* u rasy pbz. Najwyższy poziom tego parametru zauważono u osobników heterozygotycznych CA (rasa pbz) i homozygotycznych *CC* (rasa puławska). Najniższe wartości odnotowano dla osobników homozygotycznych *CC* (rasa pbz) i heterozygotycznych CA (rasa puławska).

Dla rasy puławskiej ostatnim skorelowanym parametrem z badanym polimorfizmem był FIIIB. Zauważono najwyższe jego wartości u osobników homozygotycznych *CC* ( $78.30 \pm 1.503$ ), a najniższe u heterozygotycznych AC ( $74.07 \pm 1.503$ ).

Istotną zależność zauważono również dla parametru FIIA u rasy pbz ( $p \leq 0.05$ ). Najwyższymi wartościami charakteryzowały się zwierzęta o genotypie AC ( $62.94 \pm 1.378$ ), a najniższymi o genotypie CC ( $58.15 \pm 1.459$ ).

Tabela 38. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP3) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM  $\pm$  SE)

Parametry włókien mięśniowych	Genotyp	Wbp (n=137)	Pbz (n=99)	Puławska (n=92)	Cała populacja (n=328)
PRI	AA	12.66 $\pm$ 1.223	13.29 $\pm$ 1.393	13.58 $\pm$ 1.448 <sup>a</sup>	12.93 $\pm$ 0.778
	AC	12.52 $\pm$ 0.550	12.61 $\pm$ 0.712	11.33 $\pm$ 0.632 <sup>a</sup>	12.15 $\pm$ 0.367
	CC	12.50 $\pm$ 0.755	12.82 $\pm$ 0.754	10.51 $\pm$ 0.632 <sup>b</sup>	11.94 $\pm$ 0.416
PRIIA	AA	18.62 $\pm$ 1.653	17.07 $\pm$ 1.292	15.85 $\pm$ 1.676	17.22 $\pm$ 0.923
	AC	17.09 $\pm$ 0.744	16.99 $\pm$ 0.660	15.50 $\pm$ 0.732	16.42 $\pm$ 0.436
	CC	19.10 $\pm$ 1.020	17.64 $\pm$ 0.699	15.75 $\pm$ 0.732	17.50 $\pm$ 0.493
PRIIB	AA	68.71 $\pm$ 2.755	69.65 $\pm$ 1.962	73.57 $\pm$ 2.322 <sup>a</sup>	69.92 $\pm$ 1.461
	AC	69.13 $\pm$ 1.240	70.41 $\pm$ 1.002	73.17 $\pm$ 1.013 <sup>a</sup>	70.92 $\pm$ 0.690
	CC	68.40 $\pm$ 1.700	69.54 $\pm$ 1.062	70.74 $\pm$ 1.013 <sup>b</sup>	70.56 $\pm$ 0.781
FI	AA	59.40 $\pm$ 2.328	59.11 $\pm$ 2.108 <sup>a</sup>	59.62 $\pm$ 3.413 <sup>a</sup>	59.50 $\pm$ 1.508
	AC	57.28 $\pm$ 1.048	61.19 $\pm$ 1.077 <sup>a</sup>	59.42 $\pm$ 1.490 <sup>a</sup>	58.31 $\pm$ 0.712
	CC	58.44 $\pm$ 1.437	56.36 $\pm$ 1.140 <sup>b</sup>	62.10 $\pm$ 1.490 <sup>b</sup>	58.99 $\pm$ 0.806
FIIA	AA	59.09 $\pm$ 2.563	61.65 $\pm$ 2.697 <sup>a</sup>	58.27 $\pm$ 3.395	59.65 $\pm$ 1.648
	AC	60.38 $\pm$ 1.154	62.94 $\pm$ 1.378 <sup>a</sup>	57.94 $\pm$ 1.482	60.42 $\pm$ 0.778
	CC	60.60 $\pm$ 1.582	58.15 $\pm$ 1.459 <sup>b</sup>	60.59 $\pm$ 1.482	59.80 $\pm$ 0.881
FIIB	AA	75.60 $\pm$ 3.367	75.25 $\pm$ 2.760	74.99 $\pm$ 3.444 <sup>a</sup>	75.71 $\pm$ 1.924
	AC	76.26 $\pm$ 1.515	76.45 $\pm$ 1.410	74.07 $\pm$ 1.503 <sup>a</sup>	75.79 $\pm$ 0.908
	CC	75.52 $\pm$ 2.078	74.80 $\pm$ 1.493	78.30 $\pm$ 1.503 <sup>b</sup>	76.22 $\pm$ 1.028

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>)

#### 5.8.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)

Istotne zależności pomiędzy polimorfizmem i badanymi parametrami odnotowano dla: PRIIA (wbp, puławska, cała populacja), FI (wbp, puławska, cała populacja), FIIA (pbz, puławska, cała populacja) i FIIB (wbp, pbz, puławska, cała populacja) (Tabela 39).

U ras wbp i puławska najwyższe wartości PRIIA wykazano dla osobników heterozygotycznych AT. Potwierdziło się to również w całej badanej populacji świń. Najniższe wartości w każdej z grup stwierdzono u osobników homozygotycznych AA ( $p \leq 0.05$ ).

FI miało istotne statystycznie powiązania u rasy wbp ( $p \leq 0.05$ ), puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) oraz całej badanej populacji świń ( $p \leq 0.05$ ). We wszystkich tych grupach najwyższą wartość FI odnotowano dla osobników heterozygotycznych AT, najniższą zaś u homozygot *TT* (wbp i cała populacja) oraz homozygot *AA* (puławska).

Kolejnym istotnie statystycznie powiązaniem z genotypami *ACTN3* parametrem był FIIA. Najwyższymi wartościami w każdej z tych grup charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *AT*. Najniższą wartość odnotowano u homozygot *TT* (pbz) i homozygot *AA* (puławska i cała populacja) ( $p \leq 0.05$  lub  $p \leq 0.01$ ).

Ostatnim parametrem o istotnym statystycznie znaczeniu był FIIB. Istotności różnic u ras wbp i pbz odnotowano na poziomie  $p \leq 0.05$ , natomiast u rasy puławskiej i całej populacji na poziomie  $p \leq 0.01$ . Najwyższymi wartościami FIIB w każdej z grup odznaczały się zwierzęta o genotypie *AT*. Najniższe wartości zauważono u homozygot *AA* (wbp, puławska i cała populacja) i homozygot *TT* (pbz).

Tabela 39. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM  $\pm$  SE)

Parametry włókien mięśniowych	Genotyp	Wbp (n=137)	Pbz (n=99)	Puławska (n=92)	Cała populacja (n=328)
PRI	<i>AA</i>	12.58 $\pm$ 0.616	12.21 $\pm$ 0.701	11.58 $\pm$ 0.788	12.07 $\pm$ 0.407
	<i>AT</i>	12.86 $\pm$ 0.923	15.44 $\pm$ 1.257	10.65 $\pm$ 0.788	12.62 $\pm$ 0.561
	<i>TT</i>	12.26 $\pm$ 0.720	12.48 $\pm$ 0.744	11.21 $\pm$ 0.695	11.97 $\pm$ 0.422
PRIIA	<i>AA</i>	16.78 $\pm$ 0.828 <sup>a</sup>	16.85 $\pm$ 0.666	15.24 $\pm$ 0.895 <sup>a</sup>	16.30 $\pm$ 0.482 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	19.90 $\pm$ 1.242 <sup>b</sup>	17.77 $\pm$ 1.195	16.84 $\pm$ 0.895 <sup>b</sup>	17.94 $\pm$ 0.664 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	18.17 $\pm$ 0.969 <sup>a</sup>	17.56 $\pm$ 0.707	15.34 $\pm$ 0.789 <sup>a</sup>	17.07 $\pm$ 0.499 <sup>a</sup>
PRIIB	<i>AA</i>	69.05 $\pm$ 1.385	70.94 $\pm$ 0.994	72.57 $\pm$ 1.249	70.97 $\pm$ 0.763
	<i>AT</i>	67.25 $\pm$ 2.077	67.79 $\pm$ 1.782	73.51 $\pm$ 1.249	69.50 $\pm$ 1.051
	<i>TT</i>	69.57 $\pm$ 1.620	69.96 $\pm$ 1.055	73.46 $\pm$ 1.102	71.02 $\pm$ 0.790
FI	<i>AA</i>	57.73 $\pm$ 1.175 <sup>a</sup>	58.30 $\pm$ 1.140	56.76 $\pm$ 1.766 <sup>A</sup>	58.06 $\pm$ 0.781 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	58.94 $\pm$ 1.763 <sup>b</sup>	59.38 $\pm$ 2.044	64.75 $\pm$ 1.766 <sup>B</sup>	61.25 $\pm$ 1.077 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	57.46 $\pm$ 1.375 <sup>a</sup>	58.17 $\pm$ 1.210	57.02 $\pm$ 1.558 <sup>A</sup>	57.94 $\pm$ 0.810 <sup>a</sup>
FIIA	<i>AA</i>	60.29 $\pm$ 1.293	60.15 $\pm$ 1.431 <sup>a</sup>	56.40 $\pm$ 1.733 <sup>A</sup>	59.26 $\pm$ 0.857 <sup>a</sup>
	<i>AT</i>	60.04 $\pm$ 1.939	63.10 $\pm$ 2.565 <sup>b</sup>	63.77 $\pm$ 1.733 <sup>B</sup>	62.13 $\pm$ 1.181 <sup>b</sup>
	<i>TT</i>	60.46 $\pm$ 1.513	60.08 $\pm$ 1.517 <sup>a</sup>	57.77 $\pm$ 1.528 <sup>A</sup>	59.82 $\pm$ 0.888 <sup>a</sup>
FIIB	<i>AA</i>	74.83 $\pm$ 1.689 <sup>a</sup>	76.72 $\pm$ 1.445 <sup>a</sup>	72.62 $\pm$ 1.827 <sup>A</sup>	74.87 $\pm$ 1.001 <sup>A</sup>
	<i>AT</i>	78.50 $\pm$ 2.533 <sup>b</sup>	78.36 $\pm$ 2.590 <sup>b</sup>	80.21 $\pm$ 1.827 <sup>B</sup>	78.12 $\pm$ 1.379 <sup>B</sup>
	<i>TT</i>	75.78 $\pm$ 1.976 <sup>a</sup>	75.73 $\pm$ 1.532 <sup>a</sup>	73.68 $\pm$ 1.611 <sup>A</sup>	75.86 $\pm$ 1.037 <sup>A</sup>

Wartości oznaczone różnymi literami różnią się od siebie statystycznie istotnie na poziomie  $p \leq 0.05$  (<sup>ab</sup>) lub  $p \leq 0.01$  (<sup>AB</sup>)

## 6. Dyskusja

Żywnienie od zawsze było jednym z najistotniejszych aspektów życia człowieka. Zdawano sobie sprawę, że ważna jest nie tylko ilość, ale również jakość pożywienia. Na przestrzeni ostatnich lat obserwuje się duże zmiany w wyborach żywieniowych społeczeństwa. Częściej analizowany jest skład produktu i sięga się po artykuły niskotłuszczowe czy niskocukrowe. Odpowiednie zbilansowanie diety wymaga wiedzy, motywacji oraz umiejętności, co ma przełożenie na zapobieganie chorobom czy zahamowanie przyrostu masy ciała.

Mięso w diecie człowieka jest wartościowym i trudnym do zastąpienia źródłem wielu składników pokarmowych. Zawiera ono dużo wysokowartościowego białka, posiadającego komplet aminokwasów egzogennych, niezbędnych do syntezy białek ustrojowych. W tkankach mięśniowych zwierząt rzeźnych białka są głównym składnikiem i stanowią około 15 – 24% masy. Mięso bogate jest w składniki mineralne, takie jak selen, cynk czy szczególnie dobrze przyswajalne żelazo hemowe. Jest też ważnym źródłem witamin, głównie z grupy B, w tym witaminy B12, pokrywając około 70% dziennego zapotrzebowania na tę witaminę. Wieprzowina jako najczęściej wybierane mięso czerwone w Polsce jest także cennym źródłem witaminy E. Zawartość witaminy D w mięsie wpływa z kolei korzystnie na metabolizm kości, co działa ochronnie przeciw krzywicy i osteomalacji (Blicharski i in. 2015). Ograniczenie spożycia mięsa może prowadzić do niedoborów wyżej wspomnianych substancji, czego konsekwencją mogą być zaburzenia immunologiczne i niedokrwistość. Składniki te mogą być co prawda dostarczone do organizmu również wraz z innymi produktami, jednak należy mieć na uwadze zachowanie ich właściwego bilansu i stopnia przyswajalności. Dla przykładu przyswajalność żelaza hemowego wynosi około 20-30%, natomiast niehemowego (którego źródłem są produkty roślinne) jedynie około 1-8% (Krzęcio-Nieczyporuk, 2016).

Wykazano, iż wieprzowina jest naturalnym źródłem inhibitora konwertazy angiotensyny (ACE I), który jest bioaktywnym peptydem hamującym aktywność enzymu przekształcającego angiotensynę I w angiotensynę II, co skutkuje obniżaniem ciśnienia tętniczego (Arihara i in. 2001). Wieprzowina w porównaniu z mięsem wołowym charakteryzuje się lepszym profilem kwasów tłuszczowych, a mianowicie wyższą zawartością wielonienasyconych kwasów PUFA (tzw. „dobrego” tłuszczu) i niższą zawartością kwasów nasyconych – SFA (tzw. „złego” tłuszczu), co w konsekwencji daje korzystniejszą proporcję kwasów PUFA/SFA. W porównaniu z mięsem drobiowym, wieprzowina charakteryzuje się

znacznie lepszą proporcją kwasów omega-6 i omega-3, pomimo niższej całkowitej zawartości PUFA. Mięso wieprzowe również analizowane jest pod kątem polimorfizmu genów, których produkty białkowe mają istotne znaczenie dla jego właściwości prozdrowotnych (Blicharski i in. 2015).

Prawidłowo zbilansowana dieta powinna uwzględniać chude mięso czerwone, ze względu na jego wysoką wartość odżywczą, wartości prozdrowotne i walory smakowe. Taka dieta posiada pozytywny wpływ na funkcjonowanie organizmu i zdrowie człowieka. Rezygnacja z konsumpcji mięsa skłania do konieczności poszukiwania innych źródeł zawartych w nim aminokwasów egzogennych, witamin i składników mineralnych. Należy jednak mieć na uwadze, że nadmierna konsumpcja mięsa czerwonego, w szczególności przetworzonego, może być, tuż obok innych czynników związanych ze stylem życia, przyczyną rozwoju wielu stanów chorobowych.

Ze względu na coraz większą świadomość podłoża chorób będących następstwem nieprawidłowej diety poszukiwana jest żywność funkcjonalna, charakteryzująca się pozytywnym wpływem na zdrowie człowieka. Konsumenci poszukują mięsa nie tylko o niższym stopniu otluszczenia, ale również o wysokiej zawartości odżywczej. Wybory te są podyktowane troską o racjonalne, zdrowe odżywianie jak i również o dobrostan zwierząt i ochronę środowiska naturalnego. Dynamiczny rozwój rolnictwa, handlu i popytu na surowiec mięsny skłania hodowców do poszukiwania metod poprawy jego jakości (Czarniecka-Skubina i in. 2007). Najnowsze doniesienia naukowe mówią, iż mięso może być rozpatrywane jako żywność funkcjonalna, ze względu na zawartość specyficznych, biologicznie czynnych składników. Do takich bioaktywnych komponentów zaliczamy: sprzężony kwas linolowy (CLA), anserynę, karnozynę, glutation, L-karnitynę, taurynę, koenzym Q, kreatynę, cholinę, kwas liponowy i orotowy (Kołodziej-Skalska i in. 2016).

Za pomocą technik genetyki molekularnej w niniejszej pracy doktorskiej wykryto i oznaczono polimorfizm zlokalizowany w 1. i 2. eksonie, w obrębie regionu nieulegającego translacji (5'UTR) i części kodującej genu *ACTN3* u świń. Zastosowane metody były skuteczne w identyfikacji i określeniu wariantów genu *ACTN3*. Przedstawiona problematyka badawcza dotyczy zagadnień nowatorskich. Próba identyfikacji polimorfizmów w genie kodującym świńskie białko  $\alpha$ -aktyninę 3 i ich powiązanie z cechami użytkowymi świń (tuczными i rzeźnymi), wybranymi parametrami jakości mięsa, tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu i mięśnia półbłoniastego oraz składem włókien mięśniowych została podjęta po raz pierwszy. W przyszłości określone zależności pomiędzy poszczególnymi genotypami *ACTN3*

a cechami jakości mięsa mogą umożliwić selekcję zwierząt o interesującym wariacie genetycznym, w celu poprawy parametrów jakości mięsa.

Dotychczas badania genu *ACTN3* nie obejmowały identyfikacji pojedynczych mutacji oraz ich asocjacji z cechami fenotypowymi i produkcyjnymi świń. Zgodnie z danymi w bazie Ensembl (stan na dzień 08.11.2023, Sscrofa11.1, GCA\_000003025.6), gen *ACTN3* posiada 4 transkrypty (warianty splicingowe). Wariant brany pod uwagę w niniejszych badaniach zbudowany jest się z 22 eksonów i zidentyfikowano w nim 649 polimorfizmów. W bazie zaraportowano 2 polimorfizmy zlokalizowane w regionie 3' UTR, 1 polimorfizm zmiany sensu, 39 zmiany synonimiczne, 14 polimorfizmy w regionach splicingowych, 162 w regionach poniżej genu (*downstream*) i 122 w regionach powyżej genu (*upstream*) a zdecydowana większość, bo aż 309 to warianty intronowi.

W literaturze brakuje informacji dotyczących detekcji i analizy wariantów genu *ACTN3* u świń metodami genetyki molekularnej. W niniejszej dysertacji wykryto i określono zmiany polimorficzne o potencjalnym wpływie na funkcję powstającego białka *ACTN3* i przeprowadzono analizę ich asocjacji z cechami produkcyjnymi świń różnych ras.

### **6.1. Polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1)**

W analizowanej populacji polimorfizm w pozycji 2:5874008 (SNP1) w istotny sposób wpłynął na cechy tuczne świń, takie jak: przyrost dzienny w teście, przyrost życiowy, wiek uboju oraz długość tuczu kontrolnego. Korelacje dla których zauważono powtarzalność wśród ras dotyczyły przyrostów dziennych w teście oraz długości tuczu kontrolnego.

Dla każdej z ras i podczas analizy całej populacji zauważono, że osobniki o genotypie homozygotycznym *CC* odznaczały się najdłuższym tuczem kontrolnym, zaś najkrótszym osobniki homozygotyczne *TT*. Może to sugerować, że bardziej korzystna będzie hodowla świń o genotypie *TT*, ponieważ osiągają one docelową wagę w krótszym czasie niż świnię o genotypie *CC* czy *CT*.

Drugą zależnością wartą uwagi jest korelacja pomiędzy SNP1 a przyrostem dziennym. U świń rasy wbp i pbz odnotowano najwyższą wartość tego parametru u osobników homozygotycznych *TT*, który wynosił odpowiednio 919 i 940 g/dzień. Najniższe przyrosty odnotowano dla świń heterozygotycznych rasy wbp (880 g/dzień) i homozygotycznych *CC* rasy pbz (897 g/dzień). Przy analizie całej populacji najwyższym przyrostem charakteryzowały się świnię o genotypie *TT*, a najniższym o genotypie *CC*.

Powyższe analizy wykazują, że bardziej korzystne dla hodowców będzie utrzymywanie świń o genotypie *TT*. Świnię te charakteryzują się bowiem szybszym



przyrostem masy ciała w krótszym czasie niż świnie o genotypie *CT* i *CC*. Utrzymanie w produkcji osobników o genotypie homozygotycznym *CC* może okazać się najmniej ekonomiczne dla hodowców.

Badanie wykazały również istotne powiązanie SNP1 z cechami rzeźnymi takimi jak: masa polędwicy, masa polędwicy bez skóry i słoniny, średnia grubość słoniny z 5 pomiarów, wysokość oka polędwicy, zawartość mięsa w tuszy oraz masa mięsa wyrębów podstawowych. Nie zaobserwowano jednak takich samych zależności dla wszystkich ras całej badanej populacji.

Analizowany polimorfizm był istotnie skorelowany również z cechami jakości mięsa, a mianowicie z zawartością tłuszczu śródmięśniowego – IMF, wodochłonnością, barwą mięsa ( $L^*$ ), odczynem pH45 mięśnia najdłuższego grzbietu i mięśnia półbłoniastego. Najbardziej znaczącą zależność odnotowano pomiędzy wariantami SNP1 i zawartością tłuszczu śródmięśniowego. Odnotowano, że najniższa wartość tego parametru występuje u homozygot *TT* wszystkich ras oraz w całej badanej populacji. Najwyższą wartością charakteryzowały się osobniki heterozygotyczne *CT* wśród ras wbp oraz pbz (1.239 % i 1.262 %) i homozygotyczne *CC* u rasy puławskiej i w całej populacji badanych świń, co może sugerować dodatnią korelację wysokiego poziomu tłuszczu śródmięśniowego z allelem *C*. Allel *T* może natomiast odpowiadać za niższe wartości IMF. Poziom tłuszczu śródmięśniowego stanowi niebagatelne znaczenie dla jakości mięsa. Dla osiągnięcia optymalnej jakości sensorycznej mięsa poziom IMF powinien się wahać w przedziale 2–3% (Wood i in. 1999). Wyniki analizy mogą pomóc w doborze zwierząt o wyższym poziomie tłuszczu śródmięśniowego, co przełoży się na wyższe walory smakowe mięsa. Powyższy wynik analizy ma bardzo istotne znaczenie dla hodowli świń ze względu na brak możliwości oszacowania zawartości IMF na żywym zwierzęciu, a następnie stosowania tego wskaźnika podczas selekcji. Podczas próby oceny zawartości tłuszczu śródmięśniowego na żywym zwierzęciu za pomocą ultrasonografii, użyta metoda okazała się mało dokładna a zastosowanie tomografii komputerowej zbyt kosztowne. Z tego względu najbardziej skuteczne w tym zakresie wydają się być metody oparte na analizie genetycznej (Mitka i in. 2016). Dotychczasowe badania dotyczące poziomu IMF u świń wykazały, iż cechy otłuszczenia są warunkowane poligenowo. Rezultaty badań naukowych wskazują, że *loci* cech ilościowych (QTL) dla IMF są zlokalizowane na kilku chromosomach: 1, 2, 4, 5, 6, 7, 12, 13, 14 i 18 (Świtoński i in., 2003). Wiele genów zostało zidentyfikowanych jako mających związek z poziomem IMF, jednak znaczna większość badaczy skupiła się przede wszystkim na genach z grupy *FABP* (ang. *Fatty Acid Binding Protein*), czyli kodujących

białka wiążące kwasy tłuszczowe. Badania nad markerami genetycznymi dla poziomu IMF zainicjowali Gerbens i in. (1997). Zasugerowali, iż gen *H-FABP* (ang. *Heart-type Fatty Acid Binding Protein*) i jego warianty mogą odpowiadać za występowanie różnic wartości tej cechy. Badania prowadzone w ostatnich latach, mające na celu poszukiwanie markerów zawartości IMF wykazały dużą liczbę genów zaangażowanych w warunkowanie cech związanych z otluszczeniem u świń. Wytypowane geny, które były badane w aspekcie zawartości IMF to między innymi *ACSL4*, *ANGPTL4*, *ANK1*, *ATP5B*, *DIO3*, *FABP3*, *FABP4*, *HMGCR*, *LEPR*, *MYPN* i *PIK3C3* (Mitka i in. 2016). Analizowany w niniejszej pracy polimorfizm SNP1 w genie *ACTN3* posiada potencjał wykorzystania go jako marker selekcyjny zawartości tłuszczu śródmięśniowego.

Badania wykazały również istotny wpływ polimorfizmu na cechy tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu: jędrności i wytrzymałości mięsa surowego, jędrności i wytrzymałości mięsa gotowanego, twardości, żujności oraz odbojności. Wyniki te były jednak zróżnicowane wśród każdej z analizowanych ras. Zgodną wśród ras tendencję odnotowano tylko w przypadku wytrzymałości i jędrności szynki surowej. U wszystkich badanych ras najwyższe wartości tego parametru odnotowano dla genotypów *CC* i *CT*, zaś najniższe dla genotypu *TT*. Taką samą zależność potwierdzono przy analizie całej populacji zwierząt.

Dla konsumentów bardzo istotną cechą surowca mięsnego jest jego jędrność. Konsystencja świeżego mięsa charakteryzuje się jędrnością i elastycznością. Po naciśnięciu mięsa palcem zagłębienie wraca szybko do pierwotnej formy. Wątpliwej jakości mięso jest mniej elastyczne i miękkie, a po naciśnięciu dołek wyrównuje się wolno. Wynik przeprowadzonej analizy może pozwolić na selekcję zwierząt o genotypie, w tym przypadku *CC* lub *CT*, który jest korzystniejszy pod względem tych cech.

Analiza związku między badanym polimorfizmem a składem procentowym i średnicą włókien mięśniowych wykazała istotne zależności dla parametrów *PRI*, *PRIIB*, *FI* oraz *FIIB*. Najbardziej obiecującą korelację odnotowano dla średnicy włókien mięśniowych typu *IIB* (*FIIB*). Wśród wszystkich badanych ras oraz w całej populacji świń najwyższą wartością tej cechy charakteryzowały się osobniki homozygotyczne *CC* oraz heterozygotyczne *CT*, najniższymi wartościami natomiast odznaczały się zwierzęta o genotypie homozygotycznym *TT*. Sugeruje to, iż allel *C* zarówno w formie homo jak i heterozygotycznej może odpowiadać, za większą średnicę włókien typu *FIIB*, a allel *T* za mniejszą. Wielkość oraz przekrój włókien mięśniowych w dużym stopniu decydują o kruchości i jędrności mięsa. Mięso o drobnowłóknistej strukturze jest bardziej soczyste, kruche i aromatyczne (Wajda

i Daszkiewicz, 2001). Wytypowanie genotypu korzystnego dla odpowiedniej średnicy włókien typu FIIB, może stanowić dobry marker genetyczny tej cechy.

## 6.2. Polimorfizm w pozycji 2:5873971 (SNP2)

Analiza polimorfizmu w pozycji 2:5873971 w odniesieniu do cech tucznych świń wykazała istotny wpływ na: przyrost dzienny w teście, zużycie paszy na kg przyrostu oraz wiek uboju. Najbardziej znaczącą zależność zauważono pomiędzy SNP2 a parametrem zużycie paszy na kilogram przyrostu. Parametr ten był istotnie powiązany z polimorfizmem u każdej z ras. Wykazano, że osobniki ras wbp i pbz o genotypach *CC* i *CT* odznaczały się największym zużyciem paszy, natomiast w przypadku rasy puławska były to osobniki o genotypie *TT*.

Wynik analizy sugeruje różnice w zapotrzebowaniu paszy u świń rasy zachowawczej (puławska) i ras wysokoprodukcyjnych (wbp i pbz). Można zauważyć odmienne zależności, gdyż rasa mięsno-tłuszczowa (puławska) odznacza się najwyższym zużyciem paszy dla genotypu *TT* a najniższym dla *CT* zaś u ras typu mięsnego (wbp i pbz) najwyższym zużyciem genotypu *CT* i *CC* a najniższym *TT*. Warto odnotować, że rasa zachowawcza potrzebuje większej ilości paszy na kg przyrostu niż rasy wysokoprodukcyjne. Wynik tej analizy, może pomóc hodowcom przy selekcji zwierząt o korzystniejszym wariacie genetycznym w zmniejszenia zużycia paszy, co może skutkować spadkiem kosztów hodowli. Podczas prowadzenia hodowli świń opłacalność tego procesu jest bardzo ważnym aspektem (Grosse-Kleimann i in. 2021).

Badany polimorfizm wykazał istotną zależność dla następujących parametrów rzeźnych: masa polędwicy, masa polędwicy bez skóry i słoniny, powierzchnia oka polędwicy i masa mięsa wyrębów podstawowych. Istotne korelacje wystąpiły jednak głównie u świń rasy puławskiej.

Kolejne istotne zależności polimorfizmu SNP2 zauważono dla cech jakości mięsa tj. zawartość tłuszczu śródmięśniowego (puławska i cała populacja), barwa mięsa ( $L^*$ ) (wbp, pbz) i odczyn pH<sub>45</sub> mięśnia najdłuższego grzbietu (pbz). Najbardziej istotną zależnością wśród cech jakości a polimorfizmem SNP2 była barwa mięsa. Wśród wszystkich ras jak i w całej populacji barwa mięsa ( $L^*$ ) najwyższą wartość osiągnęła u osobników homozygotycznych *TT*, a najniższą u heterozygot *CT* i homozygot *CC*. Mięso cechuje się jaśniejszą barwą im bardziej jest ono wodniste i odznacza się mniejszą wodochłonnością. Taki surowiec jest złej jakości i posiada ograniczoną przydatność do przerobu. Jasna barwa mięsa jest związana ze strukturą mięśni, nie pozwala ona na wnikanie światła do głębszych

warstw sprawiając, że odbicie jest duże a jasność barwy ( $L^*$ ) wysoka (Karpiesiuk i in., 2013). Co istotne, konsumenci preferują wieprzowinę o ciemniejszej barwie (Newcom i in., 2004). Ta cecha jakości mięsa jest ważnym aspektem dla branży mięsnej, ponieważ silnie determinuje postrzeganie jakości produktu przez konsumentów, a tym samym znacząco wpływa na decyzję o zakupie. Wyniki badań mogą ułatwić więc selekcję zwierząt o preferowanej barwie mięsa - w tym przypadku są to osobniki heterozygotyczne *CT* i homozygoty *CC*. W hodowli należałoby wykluczyć osobniki homozygotyczne *TT*, które cechują się wysoką jasnością barwy, niepożądaną w produkcji.

Analiza związku badanego polimorfizmu z cechami tekstury mięsa polędwicy u świń wykazała istotne zależności dla wielu badanych cech.

Znaczącą zależność zauważono dla wytrzymałości i jędrności mięsa surowego. U ras wbp i puławska oraz dla całej badanej populacji potwierdzono tą samą statystycznie istotną zależność - najwyższą wartość obu parametrów zauważono dla świń o genotypie homozygotycznym *CC* i heterozygotycznych *CT*, zaś najniższą u świń homozygotycznych *TT*. U świń rasy pbz genotyp *CC* charakteryzował się natomiast najniższymi wartościami, jednak nie potwierdzono tego statystycznie. Wytrzymałość surowego mięsa stanowi o jego jakości. Konsumenci preferują mięso o zwartej strukturze, która potwierdza jego świeżość. Znalezienie markera powyższej cechy pozwoli hodowcom na hodowlę świń o mięsie preferowanej strukturze. W przypadku mięsa gotowanego istotne zależności odnotowano tylko dla rasy puławskiej. Pewną tendencję odnotowano również dla spójności mięsa. U ras pbz, puławska i całej populacji najwyższą wartość tej cechy odnotowano dla świń o genotypie *CC* i *CT* ( $p \leq 0.05$ ), natomiast u rasy wbp dla osobników o genotypie *CT*, jednak wyniki nie były statystycznie istotne.

Kolejne istotne powiązania badanego polimorfizmu odnotowano dla cech tekstury mięśnia półbłoniastego: jędrności mięsa surowego i gotowanego, wytrzymałości mięsa gotowanego, sprężystości, spójności i żujności. Zidentyfikowany wpływ na parametry cech tekstury mięśnia półbłoniastego nie dał jednoznacznych wyników i zależał w dużej mierze od analizowanej rasy.

Istotne zależności pomiędzy polimorfizmem i parametrami włókien mięśniowych zauważono dla średnicy włókien typu FI, FIIA oraz FIIB. Najbardziej zgodne wyniki odnotowano dla pierwszej cechy. U rasy wbp i puławska oraz całej analizowanej populacji najwyższe jej wartości odnotowano u zwierząt o genotypie homozygotycznym *CC*, najniższe zaś u homozygot *TT*. W przypadku rasy pbz nie wykryto genotypu *TT*, natomiast pomimo braku istotności różnic średnica włókien typu FI u homozygot *CC* była wyższa niż

u heterozygot. Produkcja mięsa wysokiej jakości zależy m.in. od czynników genetycznych zwierzęcia, które wpływają na strukturę mięśni tj. liczbę włókien, ich wymiary, metabolizm. Zwiększona średnica włókien mięśniowych wpływa na obniżenie kruchości mięsa, co przekłada się na pogorszenie jakości sensorycznej mięsa (Pospiech E i in., 2003). Badania Karlssona i in. (1999) wykazały, że na typ włókien mięśniowych i ich średnicę u zwierząt kręgowych w małym stopniu wpływają czynniki środowiskowe (warunki utrzymania zwierząt, aktywność fizyczna czy żywienie). Typ oraz liczba włókien mięśniowych jest uwarunkowana genetycznie i zdeterminowana już na etapie okresu płodowego. Z tego względu pojawiają się doniesienia dotyczące poszukiwania wariantów genetycznych powiązanych z cechami włókien mięśniowych. Przykładem może być polimorfizm genu kodującego jeden z rodzajów mikroRNA - *miR208b*. Wykazano, że synteza prekursorowego *miR208b* była zależna od jego genotypu, której poziom był z kolei pozytywnie skorelowany z ekspresją genu docelowego (*SOX-6*), natomiast negatywnie powiązany z ekspresją genu w którym jest on zlokalizowany - genu gospodarza (*MYH7*). Miało to także odzwierciedlenie w badaniach asocjacyjnych, w których stwierdzono zależność pomiędzy poszczególnymi wariantami *miR208b* a proporcją włókien typu I i IIb oraz wyciekami naturalnym w populacji świń obejmujących rasy berkshire, landrace i yorkshire (Kim i in. 2014). Późniejsze badania wykazały również powiązania polimorfizmu *miR208b* z niektórymi cechami wzrostu, tuszy, jakości mięsa oraz jego teksturą u różnych ras świń utrzymywanych w Polsce (Polasik i in., 2018a, b). Inne analizy objęły z kolei gen kodujący łańcuch ciężki beta-miozyny (*MYH3*), którego warianty delecyjno-insercyjne zlokalizowane w regionie 5'-UTR powiązane były z powierzchnią włókien typu I oraz ich procentową zawartością u mieszańców ras duroc x korean native (Cho i in., 2019). Oprócz klasycznych badań asocjacyjnych dotyczących pojedynczych genów, w literaturze można się coraz częściej spotkać z analizami całego genomu tzw. GWAS (ang. *genome wide association study*), które umożliwiają wskazanie pozycji QTLi, polimorfizmów typu SNP oraz genów kandydatów potencjalnie powiązanych z poszczególnymi cechami włókien mięśniowych u różnych ras i populacji świń (Zhang i in. 2019, Guo i in. 2020, Huang i in. 2022)

Wynik przeprowadzonej w niniejszej pracy analizy dotyczącej zależności dla polimorfizmu SNP2, mogą pomóc w selekcji zwierząt do hodowli o określonym profilu średnicy włókien.

### **6.3. Polimorfizm w pozycji 2:5873908 (SNP3)**

W badaniach wykazano istotny wpływ polimorfizmu na cechy tuczne wyłącznie wśród rasy wbp. Cechy, na które zaobserwowano istotny wpływ genotypów *ACTN3* to: przyrost życiowy, zużycie paszy na kg przyrostu i wiek uboju.

Wśród badanych cech rzeźnych stwierdzono istotną zależność pomiędzy polimorfizmem SNP3 a masą polędwicy bez skóry i słoniny wśród rasy pbz.

Na podstawie analizy zależności pomiędzy polimorfizmem *ACTN3* a parametrami tekstury mięsa polędwicy wykazano istotny związek z jędrnością i wytrzymałością mięsa surowego, jędrnością mięsa gotowanego oraz spójnością u rasy puławskiej i całej populacji.

Wykazano istotny związek badanego polimorfizmu u rasy puławskiej na parametry włókien mięśniowych takich jak: PRI, PRIIB, FI oraz FIIB.

Żadna z odnotowanych korelacji dla SNP3 nie cechowała się taką samą tendencją u poszczególnych ras i całej populacji. Wynik analizy może świadczyć o tym, iż badany polimorfizm nie ma potencjału wykorzystania go jako marker genetyczny dla cech tucznych, rzeźnych, jakościowych, parametrów tekstury oraz parametrów włókien mięśniowych u świń różnych ras.

### **6.4. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4)**

W badaniach stwierdzono istotny wpływ polimorfizmu SNP4 na cechy tuczne u świń takie jak: przyrost dzienny w teście, przyrost życiowy, dzienne pobranie paszy, wiek uboju oraz długość tuczu kontrolnego.

Cechy rzeźne, które były powiązane z analizowanym wariantem: średnia grubość słoniny z 5 pomiarów, szerokość oka polędwicy, wysokość oka polędwicy oraz powierzchnia oka polędwicy.

Badanie związku polimorfizmu SNP4 z parametrami tekstury mięsa polędwicy u świń wykazały istotny wpływ na następujące cechy: jędrność, wytrzymałość mięsa surowego oraz gotowanego i odbojność.

Powyższe korelacje pomiędzy badanym polimorfizmem a cechami tucznymi, rzeźnymi oraz tekstury mięsa nie wykazały jednak powtarzalności wśród ras.

Istotne zależności pomiędzy polimorfizmem a parametrami włókien mięśniowych wykazano dla: PRIIA, FI, FIIA i FIIB. Najbardziej znaczący wpływ polimorfizmu, odnotowano dla parametrów FI i FIIB. FI miało istotne statystycznie powiązania z poszczególnymi wariantami genu *ACTN3* u ras wbp ( $p \leq 0.05$ ), puławskiej ( $p \leq 0.01$ ) oraz

całej badanej populacji świń ( $p \leq 0.01$ ). We wszystkich tych grupach najwyższy poziom odnotowano dla osobników heterozygotycznych *AT*. Najniższy zaś, zbliżony do siebie zauważono u homozygot *TT* oraz homozygot *AA*. Taką samą tendencję odnotowano dla rasy pbz, jednak nie została ona potwierdzona statystycznie. Drugim parametrem o istotnym statystycznie powiązaniu u wszystkich ras był FIIB. Istotność u ras wbp i pbz odnotowano na poziomie  $p \leq 0.05$ , natomiast u rasy puławskiej i całej populacji na poziomie  $p \leq 0.01$ . Najwyższymi wartościami FIIB, podobnie jak w przypadku FI w każdej z grup odznaczały się zwierzęta o genotypie *AT*. Najniższe wartości odnotowano zarówno u homozygot *AA* jak i *TT*.

Wynik analizy może ułatwić selekcję zwierząt do hodowli o określonym profilu włókien. Homozygoty *TT* i *AA* odznaczają się mniejszą średnicą włókien typu FI i FIIB, co może wpływać korzystnie na jakość sensoryczną mięsa (kruchość). Kim i in. (2013) przeprowadzili badania mające na celu analizę wpływu udziału i średnicy włókien mięśniowych typu IIB na jakość mięsa wieprzowego. Badania wykazały, iż wysoki udział włókien typu IIB o dużej średnicy powoduje, że mięso jest bardziej jasne, twardsze oraz ciekące niż mięso z włóknami typu IIB o małych lub normalnych rozmiarach. Dlatego wzrost udziału dużych włókien IIB powoduje gorszą jakość mięsa wieprzowego. Wynik analizy korelacji między SNP4 a parametrami włókien typu FIIB może więc istotne znaczenie dla hodowli trzody chlewnej pod kątem potencjału wykorzystania jako marker.

W zależności od źródła danych w genomie świni zidentyfikowano od 21743 (Rat Genome Database, URL 8) do 22,063 (Ensembl, URL 9) genów. Wiele z tych genów koduje białka ważne w kształtowaniu cech użytkowych, większość jednak to geny funkcjonalne, traktowane jako markery specyficznych cech, sprzężonych z *loci* które mają wpływ na cechy ilościowe. Do dnia 27 grudnia 2023 r. bazie Pig QTLdb udostępniono publicznie informacje dotyczące 55 166 QTLi, eQTLi (ang. *expression quantitative trait loci*) i potwierdzonych asocjacji genotyp-cecha. Dane te pochodzą z 819 publikacji i reprezentują 673 cechy podstawowe, 530 wariantów cech i 291 genów o zróżnicowanej ekspresji względem analizowanych cech (eQTL) (Animal QTLdb, URL 10).

Dzięki znajomości procesów fizjologicznych oraz przemian metabolicznych, które kształtują daną cechę możliwe jest wytypowanie genów, których produkty biorą udział w tych przemianach, czyli genów kandydujących. Jedną z metod identyfikacji *loci* cech ilościowych jest ocena wpływu polimorfizmu genów na fenotypową wartość cechy ilościowej. W ubiegłych latach w ośrodkach naukowo-badawczych całego świata, zintensyfikowano badania nad genami kandydującymi dla cech jakości tuszy. Geny te są w większości związane z wzrostem i różnicowaniem tkanki mięśniowej a także kontrolujące przemiany biochemiczne

w mięśniach. Obiecującymi markerami jakości wieprzowiny są geny kodujące enzymy szlaków proteolitycznych mięśni, takie jak: *RYR1*, *PRKAG3*, *PKM2*, *GLUT4*, *MYOG* czy *CAST*. Jeśli chodzi o cechy otluszczenia tuszy, istotnymi markerami są: gen leptyny (*LEP*) – białka, które odgrywa rolę w regulacji gospodarki energetycznej organizmu i jej receptora (*LEPR*), gen melanokortyny (*MC4R*) – hormonu uczestniczącego w regulacji pobierania pokarmu (paszy), gen białka związanego z gospodarką lipidową – *CART* (transkrypt regulowany przez kokainę i amfetaminę), a także rodzina genów białek wiążących kwasy tłuszczowe (*FABP*) (Korwin-Kossakowska, 2010).

Wszystkie powyżej wspomniane geny i warianty w nich zidentyfikowane są testowane na wielu populacjach, stadach czy rasach. Badania prowadzone w ośrodkach naukowych mają na celu potwierdzenie związku tych genów czy też zidentyfikowanych w nich polimorfizmów z cechami użytkowymi. Do tej pory jednak nie udało się znaleźć genu, którego oddziaływanie byłoby uniwersalne na cechy mięsności tuszy u świń wszystkich ras, jak ma to miejsce w przypadku genu *RYR1*. Gen ten odpowiada za wrażliwość świń na stres, przy czym ma też pozytywny wpływ na zawartość mięsa w tuszy oraz rozwój tkanki mięśniowej. Zyskał on miano genu mięsności ze względu na silne korzystne działanie w zakresie cech rzeźnych. Jednocześnie decyduje on w znacznym stopniu o występowaniu mięsa obciążonego wadą PSE (mięso wodniste, blade i miękkie), co obniża jego wartość technologiczną.

Przemysł mięsny kładzie duży nacisk na jakość mięsa i włącza tą cechę jako integralną część selekcji, wykorzystując niektóre z powyższej wymienionych markerów i genów do selekcji. Wyniki niniejszej pracy doktorskiej mogą być w przyszłości cenne pod względem prac selekcyjnych a badane polimorfizmy mogą pretendować w kategoriach markera genetycznego.

Przeprowadzone analizy mogą stanowić wstęp do kontynuacji badań dotyczących wpływu polimorfizmów genu *ACTN3* na cechy produkcyjne i parametry jakości mięsa oraz poszukiwania nowych markerów genetycznych. Istotne wydaje się zwiększenie liczebności badanych zwierząt, aby uzyskać dokładniejsze wyniki badań. Warte uwagi byłoby także zbadanie poziomu ekspresji genu *ACTN3* w różnych mięśniach szkieletowych, a także u różnych ras świń.



## 7. Stwierdzenia i wnioski

Wyniki uzyskane w wyniku przeprowadzonych badań pozwoliły na sformułowanie następujących stwierdzeń i wniosków:

1. W analizowanym fragmencie genu *ACTN3* u świń ras wielka biała polska, polska biała zwisłoucha oraz puławska wykazano obecność 4 miejsc polimorficznych.
2. Zastosowane metody (PCR-RFLP i ACRS-PCR) pozwoliły na określenie poszczególnych wariantów genu *ACTN3*. W przyszłości mogą one stanowić szybki i tani test diagnostyczny pod kątem opracowania markerów.
3. Zidentyfikowane polimorfizm wykazują istotną asocjację z wybranymi cechami tucznymi, parametrami jakości mięsa, parametrami tekstury mięśnia najdłuższego grzbietu i mięśnia półbłoniastego oraz parametrami składu włókien mięśniowych.
4. W wielu przypadkach odnotowano istotne asocjacje tylko dla danej rasy lub zróżnicowanie wartości cech względem genotypu pomiędzy poszczególnymi rasami.
5. Polimorfizm zlokalizowany w pozycji 2:5874008 (SNP1) był istotnie skorelowany z przyrostem dziennym, długością tuczu kontrolnego, zawartością IMF, jędrnością oraz wytrzymałością szynki, a także średnicą włókien mięśniowych typu IIB u wszystkich ras świń.
6. Polimorfizm mieszczący się w pozycji 2:5873971 (SNP2) był istotnie powiązany ze zużyciem paszy, barwą mięsa, a także średnicą włókien mięśniowych typu I u wszystkich analizowanych ras świń.
7. W przypadku polimorfizmu w pozycji 2:5873908 (SNP3) nie stwierdzono takich samych tendencji zależności genotyp-cecha u poszczególnych ras świń.
8. Polimorfizm w pozycji 2:5873644 (SNP4) był istotnie skorelowany ze średnicą włókien mięśniowych typu I oraz typu IIB u wszystkich badanych ras świń.

## 8. 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 ras 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 Sangera. 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.

## 9. Abstract

In recent years, in response to increasing demand for food, including raw meat, it has been necessary to improve production efficiency. In an effort to achieve faster, larger and cheaper production, the goal of breeding has become to improve the level of slaughter and fattening traits. The achievement of this effect carries an unfavorable phenomenon of meat quality decline. The increase in meatiness of pigs resulted in a deterioration of water holding capacity, change of meat color that was too light, an increase of drip loss and a decrease of intramuscular fat content. This resulted in lowering of meat culinary suitability and deterioration of flavor (Krzęcio et al., 2003). Meat quality is determined by a number of factors. These include both genetic (breed, sex, age) and environmental factors (nutrition, animal maintenance and transport, slaughter and post-slaughter handling and meat storage). Parameters that determine meat quality include flavor, aroma, color, juiciness and tenderness, i.e. organoleptic parameters.

Consumer expectations and demands are forcing an increasingly higher quality standard of raw meat and thus a new look at the genetic improvement aspect of pigs. In Poland, the process of improving pork quality has just begun. For this purpose, an intensive research is being carried out. Incorporating meat quality traits into the selection criteria creates opportunities to improve parameters important to consumers. Understanding the genetic factors influencing meat quality in the future can help select animals with a preferred genetic variant whose meat will exhibit favorable quality. This issue is currently a priority for pig producers and breeders. Therefore, the analysis of polymorphic variants of *ACTN3* gene in relation to pork quality parameters and other performance traits in pigs is justified due to the molecular mechanism nature, indicating variation in the function of encoded protein.

**Objective.** The aim of this study was to detect and analyze the polymorphism of *ACTN3* gene in the domestic pig (*Sus scrofa domestica*) and to establish potential relationships between individual genotypes and performance traits of pigs reared in Poland.

**Materials and methods.** The study included 578 individuals representing pigs of the conservative breed – Puławska (159) and high-productive breeds – Polish Large White (206) and Polish Landrace (213). The animals were kept under the same conditions at the Pig Performance Testing Station of the Institute of Animal Production PIB in Chorzelów. In the first study stage, amplification of *ACTN3* gene fragment was carried out by PCR and then obtained amplicons were subjected to Sanger sequencing. The obtained sequences, along with a reference sequence, were compared with each other to identify different variants of *ACTN3*

gene. Sequencing allowed for the detection of 4 single nucleotide polymorphisms (SNPs). They are located within the untranslated region (5'UTR) and the protein coding part of gene. Appropriate molecular methods (PCR-RFLP and ACRS-PCR) were developed, which allowed for genotyping the studied group of animals. The relationship between *ACTN3* genotypes and performance traits was analyzed using the SAS/STAT software with the adequate statistical model.

**Results.** The obtained data regarding polymorphic variants of *ACTN3* gene show that it is characterized by quite high variability. Identified polymorphisms significantly affected individual fattening and slaughter traits, meat quality, texture parameters of the *longissimus dorsi* and *semimembranosus* muscles as well as muscle fibers composition in pigs of different breeds.

**Conclusions.** The *ACTN3* gene may be a candidate for a genetic marker of selected performance traits in pigs kept in Poland.

## 10. Spis tabel

Tabela 1. Charakterystyka włókien mięśniowych. Źródło: Bereta i Eckert (2010) .....	21
Tabela 2. Sekwencje starterów do amplifikacji fragmentu genu <i>ACTN3</i> w wykorzystane do sekwencjonowania .....	32
Tabela 3. Skład pojedynczej mieszaniny reakcyjnej użytej do PCR .....	32
Tabela 4. Profil temperaturowy PCR .....	33
Tabela 5. Tabela przedstawia sekwencje starterów wykorzystanych w analizie polimorfizmu genu <i>ACTN3</i> ; kolorem czerwony zaznaczono zmianę wprowadzaną przez starter .....	34
Tabela 6. Odczynniki użyte w PCR do analizy polimorfizmu genu <i>ACTN3</i> .....	35
Tabela 7. Profil temperaturowy dla PCR w celu identyfikacji polimorfizmu .....	35
Tabela 8. Wytypowane enzymy restrykcyjne wraz z rozpoznawaną sekwencją obejmującą analizowany polimorfizm .....	36
Tabela 9. Objętości składników mieszaniny restrykcyjnej .....	37
Tabela 10. Zidentyfikowane warianty genu <i>ACTN3</i> .....	41
Tabela 11. Długości poszczególnych fragmentów restrykcyjnych oraz stężenia żeli agarozowych użytych do analizy polimorfizmów .....	42
Tabela 12. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP1 ....	44
Tabela 13. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP2 ....	45
Tabela 14. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP3 ....	46
Tabela 15. Frekwencje genotypów i alleli u 3 badanych ras świń dla polimorfizmu SNP4 ....	46
Tabela 16. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na cechy tuczne świń (LSM ± SE) .....	47
Tabela 17. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na cechy tuczne świń (LSM ± SE) .....	48
Tabela 18. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na cechy tuczne świń (LSM ± SE) .....	49
Tabela 19. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP4) na cechy tuczne świń (LSM ± SE) .....	50
Tabela 20. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na cechy rzeźne świń (LSM ± SE) .....	52
Tabela 21. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na cechy rzeźne świń (LSM ± SE) .....	53

Tabela 22. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na cechy rzeźne świń (LSM ± SE) .....	54
Tabela 23. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP4) na cechy rzeźne świń (LSM ± SE) .....	56
Tabela 24. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE) .....	57
Tabela 25. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE) .....	58
Tabela 26. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE) .....	59
Tabela 27. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP4) na wybrane cechy jakości mięsa świń (LSM ± SE) .....	60
Tabela 28. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na wybrane parametry tekstury polędwicy wieprzowej (LSM ± SE) .....	62
Tabela 29. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na wybrane parametry tekstury polędwicy wieprzowej (LSM ± SE) .....	64
Tabela 30. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na wybrane parametry tekstury polędwicy wieprzowej (LSM ± SE) .....	65
Tabela 31. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP4) na wybrane parametry tekstury polędwicy wieprzowej (LSM ± SE) .....	67
Tabela 32. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM ± SE).....	68
Tabela 33. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM ± SE).....	70
Tabela 34. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM ± SE).....	71
Tabela 35. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP4) na wybrane parametry tekstury szynki wieprzowej (LSM ± SE).....	72
Tabela 36. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP1) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM ± SE) .....	73
Tabela 37. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP2) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM ± SE) .....	75
Tabela 38. Analiza wpływu wariantów genu <i>ACTN3</i> (SNP3) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM ± SE) .....	76

Tabela 39. Analiza wpływu wariantów genu *ACTN3* (SNP4) na wybrane parametry włókien mięśniowych (LSM ± SE) .....77



## 11. Spis rycin

Rycina 1. Schemat obrazujący lipidy wewnątrzkomórkowe (B) i lipidy pozakomórkowe (C) wewnątrz i między włóknami mięśniowymi (A).....	15
Rycina 2. Zależność między zmianami pH tkanki mięśniowej po uboju a jakością mięsa.....	19
Rycina 3. Schemat budowy $\alpha$ -aktyniny .....	22
Rycina 4. Lokalizacja genu <i>ACTN3</i> u <i>Sus scrofa</i> w chromosomie 2 .....	23
Rycina 5. Warianty splicingowe genu <i>ACTN3</i> u świń.....	23
Rycina 6. Schemat przedstawiające etapy detekcji polimorfizmu genu <i>ACTN3</i> .....	30
Rycina 7. Schemat przedstawiający etapy określania poszczególnych wariantów genu <i>ACTN3</i> .....	31
Rycina 8. Zdjęcie 1,5% żelu agarozowego rozdziału elektroforetycznym produktów PCR fragmentu genu <i>ACTN3</i> . Ścieżka 1 - wzorzec BenchTop PCR Markers ( <i>Promega, Stany Zjednoczone</i> ); ścieżki 2-7 amplikony o pożądanej długości, które poddano sekwencjonowaniu.....	38
Rycina 9. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu <i>ACTN3</i> (R - substytucja C>T).....	39
Rycina 10. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu <i>ACTN3</i> (R - substytucja C>T).....	39
Rycina 11. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu <i>ACTN3</i> (K - substytucja C>A) .....	40
Rycina 12. Chromatogram uzyskany po sekwencjonowaniu fragmentu genu <i>ACTN3</i> (Y - substytucja A>T).....	40
Rycina 13. Przykładowy rozdział elektroforetyczny po trawieniu enzymem restrykcyjnym <i>MboI</i> w celu identyfikacji polimorfizmu SNP1 genu <i>ACTN3</i> . Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/ <i>MspI</i> ( <i>Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone</i> ); ścieżki 2, 3, 7 - genotyp <i>CT</i> , ścieżki 4, 5, 6, 8 - genotyp <i>CC</i> , ścieżka 10 - genotyp <i>TT</i> . Prążek o dł. 24 pz jest zbyt krótki i słabo widoczny na żelu .....	42
Rycina 14. Przykładowy rozdział elektroforetyczny po trawieniu enzymem restrykcyjnym <i>EcoO109I</i> dla polimorfizmu SNP2 w genie <i>ACTN3</i> . Ścieżka 1 - marker długości DNA BenchTop PCR Markers ( <i>Promega, Stany Zjednoczone</i> ); ścieżki 2, 5, 6, 7 - genotyp <i>CC</i> , ścieżka 3 - genotyp <i>CT</i> , ścieżka 4 - genotyp <i>TT</i> . Prążki 11 i 1 pz mają zbyt małą długość i nie są widoczne na żelu, prążki o długościach 303 i 301pz są widoczne jako jeden prążek .....	43

- Rycina 15. Przykładowy rozdział elektroforetyczny produktów po trawieniu enzymem restrykcyjnym *EcoRV* dla polimorfizmu SNP3 genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/*MspI* (*Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*); ścieżka 2 - genotyp AA, ścieżki 3,5,6,7 - genotyp CC, a ścieżka 4 - genotyp CA. Prążek 23 pz ma zbyt małą długość i jest słabiej widoczny na żelu .....43
- Rycina 16. Przykładowy rozdział elektroforetyczny produktów po trawieniu enzymem restrykcyjnym *Eco57I* dla polimorfizmu SNP4 genu *ACTN3*. Ścieżka 1 - marker długości DNA pUC19/*MspI* (*Thermo Fisher Scientific, Stany Zjednoczone*); ścieżki 2, 7 - genotyp AA, ścieżka 3 - genotyp TT, a ścieżki 4, 5, 6 genotyp CT. Prążek 39 pz jest dość krótki i słabiej widoczny na żelu .....44

## 12. Bibliografia

1. **Ashmore C.R., Tompkins G., Doerr L.** 1972. Post - natal development of muscle fibre types in domestic animals. *Journal of Animal Science*, 34: 37-41.
2. **Barbera S.** 2009. WHC trend, a Dynamic Parameter Based on the Filter Paper Press Method to Measure Water Holding Capacity in Meat. The 55th International Congress of Meat Science and Technology (ICoMST), Copenhagen, Denmark, 16-21.
3. **Barbut S.** 1997. Occurrence of PSE meat in nature turkey hens. *Poultry Science*, 76: 355.
4. **Bereta A., Eckert R.** 2010. Profil histologiczny mięśni ma ścisły związek z jakością mięsa wieprzowego. *Wiadomości Zootechniczne*, XLVIII(4): 65-70.
5. **Berman Y., North KN.** 2010. A Gene for Speed: The Emerging Role of  $\alpha$ -Actinin-3 in Muscle Metabolism. *Physiology*, 25(4): 250-259.
6. **Blicharski T., Książek P., Pospiech E., Migdał W., Józwik A., Poławska E., Lisiak E.** 2013. Aktualna wartość dietetyczna wieprzowiny, jej znaczenie w diecie i wpływ na zdrowie konsumentów. *POLSUS*, Warszawa: 8.
7. **Bogucka, J., Kapelański, W.** 2016. Microstructure of longissimus lumborum muscle and meat quality of native Polish pig breeds: Złotnicka Spotted and Puławska. *Annals of Animal Science*, 16: 1199-1210.
8. **Borowy T.** 2014. Barwa mięsa i przetworów mięsnych, możliwość i ograniczenia zachowania wysokiej jakości konsumenckiej. *Informator Masarski*, 9, 60-68.
9. **Borowy T., Kubiak M.S.** 2014. Barwa mięsa i przetworów mięsnych, możliwości i ograniczenia zachowania wysokiej jakości konsumenckiej. *Ogólnopolski Informator Masarski*, 9: 60-72.
10. **Borzuta K., Lisiak D.** 2016. Ewolucja wartości rzeźnej trzody chlewnej w Polsce w ostatnim sześćdziesięcioleciu. *Przegląd Hodowlany*, 4: 1-4.
11. **Brooke M.H., Kaiser K.** 1970. Muscle fibre type: how many and what kind? *Archives of Neurology*, 23: 369-370.
12. **Cho I.C., Park H.B., Ahn J.S., Han S.H., Lee J.B., Lim H.T., Yoo C.K., Jung E.J., Kim D.H., Sun W.S., Ramayo-Caldas Y., Kim S.G., Kang Y.J., Kim Y.K., Shin H.S., Seong P.N., Hwang I.S., Park B.Y., Hwang S., Lee S.S., Ryu Y.C., Lee J.H., Ko M.S., Lee K., Andersson G., Pérez-Enciso M., Lee J.W.** 2019. A functional regulatory variant of *MYH3* influences muscle fiber-type composition and intramuscular fat content in pigs. *PLOS Genetics* 15(10): e1008279.

13. **Dasiewicz K., Chmiel M.** 2016. Charakterystyka tłuszczów zwierzęcych i aspekty zdrowotne związane z ich spożywaniem. *Postępy Techniki Przetwórstwa Spożywczego*, 1: 100-104.
14. **Domaradzki P., Litwińczuk Z., Florek M., Litwińczuk A.** 2016. Zmiany właściwości fizykochemicznych i sensorycznych mięsa wołowego w zależności od warunków jego dojrzewania. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 23(3): 35-53.
15. **Edgar R.C.** 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5): 1792-1797.
16. **Fedotovskaya O., Ciężczyk P., Leońska-Duniec A., Buryta M., Grenda A., Wiażewicz A.** 2012. Rola i znaczenie polimorfizmu R577X w genie ACTN3 u polskich wioślarzy o wysokich kwalifikacjach. *Zeszyty Naukowe Uniwersytetu Szczecińskiego*, 28: 15-25.
17. **Fernandez X., Monin G., Talmant A., Mourot J., Lebret B.** 1999. Influence of intramuscular fat content on the quality of pig meat. 1. Composition of the lipid fraction and sensory characteristics of *m. longissimus lumborum*. *Meat Science*, 53(1): 59-65.
18. **Gawęcki J., Hryniewiecki L.** 1998. *Żywnienie człowieka. Podstawy nauki o żywieniu*. Warszawa: PWN: 345.
19. **Gawęcki J., Mossor-Pietraszewska T.** 2004. *Kompedium wiedzy o żywności, żywieniu i zdrowiu*. Warszawa: Wydawnictwo Naukowe PWN.
20. **Gerbens F., Rettenberger G., Lenstra J.A., Veerkamp J.H., Te Pas M.F.** 1997. Characterization, chromosomal localization and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mammalian Genome*, 8: 328-332.
21. **Grosse-Kleimann J., Wegner B., Spiekermeier I., Grosse Beilage E., Kemper N., Nienhoff H., Plate H., Meyer H., Gerhardy H., Kreienbrock L.** 2021. Health Monitoring of Fattening Pigs – Use of Production Data, Farm Characteristics and On-Farm Examination. *Porcine Health Management*, 7(45): 1-13.
22. **Guo T, Gao J, Yang B, Yan G, Xiao S, Zhang Z, Huang L.** 2020. A whole genome sequence association study of muscle fiber traits in a White Duroc×Erhualian F2 resource population. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, 33(5): 704-711.
23. **Hamm R.** 1986. Functional properties of the myofibrillar system and their measurement. W: Bechtel P.J. (ed.), *Muscle as Food*. London: Academic Press Inc: 135-199.
24. **Honikel K.O.** 2009. Moisture and water-holding capacity. *Handbook of Muscle Foods Analysis*. Nollet L. M. L., Toldra F. CRC Press.

25. **Huang Y., Cai L., Duan Y., Zeng Q., He M., Wu Z., Zou X., Zhou M., Zhang Z., Xiao S., Yang B., Ma J., Huang L.** 2022. Whole-genome sequence-based association analyses on an eight-breed crossed heterogeneous stock of pigs reveal the genetic basis of skeletal muscle fiber characteristics. *Meat Science*, 194: 108974.
26. **Jimenez-Colomero F., Carballo S., Cofrades S.** 2001. Healthier meat and meat products: their role as functional foods, *Meat Science*, 59: 5-13.
27. **Karlsson A.H., Klont R.E., Fernandez X.** 1999. Skeletal muscle fibres as factors for pork quality. *Livestock Production Science*, 60: 255-269.
28. **Karlsson A.H., Klont R.E., Fernandez X.** 1999. Skeletal muscle fibres as factors for pork quality. *Livestock Production Science*, 60: 255-269.
29. **Karpiesiuk K.** 2012. Czynniki wpływające na jakość mięsa świń. *Hodowca Trzody Chlewnej*, 5-6: 32-35.
30. **Karpiesiuk K., Kozera W., Bugnacka D., Falkowski J.** 2013. Wpływ warunków chowu tuczników na jakość mięsa i profil kwasów tłuszczowych w mięśniu najdłuższym grzbietu. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 3(88): 39-50.
31. **Kim G.D., Jeong J.Y., Jung E.Y., Yang H.S., Lim H.T., Joo S.T.** 2013. The influence of fiber size distribution of type IIB on carcass traits and meat quality in pigs. *Meat Science*, 94(2): 267-273.
32. **Kim J.M., Lim K.S., Hong J.S., Kang J.H., Lee Y.S., Hong K.C.** 2015. A polymorphism in the porcine miR-208b is associated with microRNA biogenesis and expressions of SOX-6 and MYH7 with effects on muscle fibre characteristics and meat quality. *Animal Genetics*, 46(1):73-77.
33. **Kłopocka W.** 2001. Struktura i funkcje cytoszkieletu korykalnego *Amoeba proteus*. *Kosmos. Problemy Nauk Biologicznych*, 50(3): 233-241.
34. **Kłowska D., Fiedler I.** 2003. Muscle fibre types in pigs of different genotypes in relation to meat quality. *Animal Science Papers and Reports*. 21, Suppl. 1: 49-60.
35. **Koćwin-Podsiadła M.** 1997. Geny wpływające na jakość mięsa wieprzowego. *Gospodarka Mięsna*, 49(10): 36-37.
36. **Koćwin-Podsiadła M., Krzęcio E., Przybylski W.** 2006. Pork quality and methods of its evaluation – a review. *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences* 15/56, 3: 241-248.
37. **Koćwin-Podsiadła M., Przybylski W., Kaczorek S., Krzęcio E.** 1998. Quality and technological yield of PSE [pale, soft, exudative]-, acid- and normal pork. *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, 07(2): 217-222.
38. **Kolczak T.** 2008. Jakość wołowiny. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 56(1): 5–22.

39. **Kołodziej-Skalska A., Matysiak B., Grudziński M.** 2016. Mięso wieprzowe a zdrowie człowieka. *Kosmos. Problemy Nauk Biologicznych*, 65, 4(313): 535-542.
40. **Korwin-Kossakowska A.** 2010. Wykorzystanie badań z zakresu genetyki molekularnej w produkcji mięsa wieprzowego. *Przegląd Hodowlany*, 78(11): 7-10.
41. **Krzęcio E., Zybert A., Sieczkowska H., Koćwin-Podsiadła M., Antosik K.** 2003. Wpływ mięsności tusz wieprzowych na wybrane cechy rzeźne i cechy jakości mięsa tuczników pogłowia masowego. *Żywność, Nauka, Technologia, Jakość, Suplement*, 37: 195-203.
42. **Kwiatkowska K., Sobota A.** 1997. Rola wapnia w organizacji cytoszkieletu podbłonowego. *Kosmos. Problemy Nauk Biologicznych*, 46, 4(1997), 579-585.
43. Lundström K., Malmfors G. 1985. Variation in light scattering and water-holding capacity along the porcine *longissimus dorsi* muscle. *Meat Science*, 15: 203–214.
44. **McCurdy R. D., Barbut S., Quinton M.** 1996. Seasonal effect on pale soft exudative (PSE) occurrence in young turkey breast meat. *Food Research International*, 29(3/4): 363.
45. **Mitka I., Tyra M., Wojtylak-Jurkiewicz E.** 2016. Analiza efektów genów warunkujących poziom tłuszczu śródmięśniowego (IMF) u świń oraz możliwości ich zastosowania w pracach selekcyjnych – praca przeglądowa. *Wiadomości Zootechniczne*, R. LIV(2): 150-159.
46. **Modzelewska-Kapituła M., Cierach M.** 2012. Wykorzystanie komputerowej analizy obrazu do oznaczania zawartości wody wolnej w mięsie metodą Graua-Hamma – wpływ wielkości nacisku i czasu na wynik oznaczenia. *Inżynieria Przetwórstwa Spożywczego*, 1(1/4):23-25.
47. **Mroczek J.R.** 2015. Mięso wieprzowe w zrównoważonej gospodarce żywnościowej. *Polish Journal for Sustainable Development*, 19: 83-90.
48. **Mucha S.** 2022. System Jakości Wieprzowiny PQS (Pork Quality System), <https://www.gov.pl/web/rolnictwo/system-jakosci-wieprzowiny-pqs-pork-quality-system> (dostęp 13.05.2023)
49. **Musiał A. D., Ropka-Molik K., Piórkowska K., Jaworska J., Stefaniuk-Szmukier M.** 2019. ACTN3 genotype distribution across horses representing different utility types and breeds. *Molecular Biology Reports*, 46(6): 5795-5803.
50. **Newcom D.W., Stadler K.L.J., Bass T.J., Godwin R.N., Parrish F.C., Wiegand B.R.** 2004. Breed differences and genetic parameters of myoglobin concentration in porcine *longissimus* muscle. *Journal of Animal Science*, 82: 2264-2268.

51. **Ozawa S., Mitsuhashi T., Mitsumoto M., Matsumoto S., Itoh N., Itagaki K.** 2000. The characteristics of muscle fiber types of longissimus thoracis muscle and their influences on the quantity and quality of meat from Japanese Black steers. *Meat Science*, 54: 65-70
52. **Peter J.B., Barnard R.L., Edgerton V.R., Gillespie C.A., Stempel K.E.** 1972. Metabolic profiles of three fiber types of skeletal muscle in guinea pigs and rabbits. *Biochemistry*, 11: 2627-2633.
53. **Piotrowska A., Świąder K., Waszkiewicz-Robak B., Świdorski F.** 2012. Możliwości uzyskania mięsa i przetworów z mięsa wieprzowego o podwyższonej zawartości wielonienasyconych kwasów tłuszczowych n-3. *Żywność Nauka Technologia Jakość*, 5 (84): 5-19.
54. **Pisula A., Pospiech E.** 2011. Mięso – podstawy nauki i technologii. Jakość surowca mięsnego i jej uwarunkowania. Warszawa: Wydawnictwo SGGW: 231-272.
55. **Polasik D., Tyra M., Szyndler-Nędzka M., Żak G., Lambert B., Terman A.** 2018. Association of *miR-208b* polymorphism with meat quality traits and texture parameters in pigs. *Czech Journal of Animal Science*, 63(11): 435-442.
56. **Polasik D., Tyra M., Żak G., Terman A.** 2018. An analysis of *MYH7* SNP (g.17104G>A) in relation to growth and carcass traits in pigs. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 27(4): 335-340.
57. **Pospiech E., Iwańska E., Grześ B.** 2003. Kruchość mięsa kulinarnego i możliwości jej poubojowego kształtowania. *Roczniki Instytutu Przemysłu Mięsnego i Tłuszczowego*, XL: 71-84.
58. **Ropka-Molik K., Stefaniuk-Szmukier M., Musiał A.D., Piórkowska K., Szmatoła T.** 2018. Sequence analysis and expression profiling of the equine *ACTN3* gene during exercise in Arabian horses. *Gene*, 685: 149-155.
59. **Ryu Y.C., Kim B.C.** 2005. The relationship between muscle fiber characteristics, postmortem metabolic rate, and meat quality of pig longissimus dorsi muscle. *Meat Science*, 71: 351-357.
60. **Seto J. T., Chan S., Turner N., MacArthur D.G., Raftery J.M., Berman Y.D., Quinlan K.G., Cooney G.J., Head S., Yang N., North K.N.** 2011. The effect of  $\alpha$ -actinin-3 deficiency on muscle aging. *Experimental Gerontology*, 46(4): 292-302.
61. **Shi-Zheng G., Su-Mei Z.** 2009. Physiology, affecting factors and strategies for control of pig meat intramuscular fat. *Recent Patents on Food, Nutrition & Agriculture*, 1(1): 59-74.
62. **Sienkiewicz J., Lewandowska D.** 2012. Czynniki wpływające na jakość mięsa wieprzowego. *Zeszyty Naukowe Ostrołęckiego Towarzystwa Naukowego*, 26: 261-272.

63. **Sionek B., Przybylski W.** 2015. Wpływ czynników środowiskowych na poziom glikogenu w mięśniach zwierząt rzeźnych. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 1(98): 35–48.
64. **Sjöblom B, Salmazo A, Djinović-Carugo K.** 2008. Alpha-actinin structure and regulation. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 65(17): 2688-701.
65. **Słowiński M., Florowski T., Adamczak L., Dasiewicz K., Golonko M.** 2005. Zastosowanie pomiaru barwy do oceny jakości mięsa drobiowego. *Postępy Techniki Przetwórstwa Spożywczego*, 2: 41-43.
66. **Śmiecińska K., Kubiak D., Daszkiewicz T., Osowiec P.** 2018. Zmiany barwy i właściwości sensorycznych mięsa wołowego zamrażanego po 7 dniach dojrzewania w modyfikowanej atmosferze. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego*, 14(3): 47-59.
67. **Świtoński M., Chmurzyńska A., Maćkowski M.** 2003. Searching for genes controlling fatness traits in pigs – a review. *Animal Science Papers and Reports*, 21(2): 73-86.
68. **Szulc K., Skrzypczak E.** 2015. Jakość mięsa polskich rodzimych ras świń. *Wiadomości Zootechniczne*, R. LIII(1): 48-57.
69. **Tomkiewicz D. Seńcio M., Dolik K.** 2012. Układ pomiarowy do określenia parametrów tekstury mięsa na podstawie pomiaru zmiany prędkości wycieku wody. *Pomiary Automatyka Kontrola*, 58(10): 901-904.
70. **Tyra M., Mitka I.** 2015. Rola tłuszczu śródmięśniowego (IMF) w kształtowaniu parametrów jakościowych (sensorycznych) mięsa. *Wiadomości Zootechniczne*, LIII(4): 50-56.
71. **Tyra M., Mitka I.** 2016. Aktualny stan i możliwości poprawy zarodkowej populacji trzody chlewnej w zakresie poziomu tłuszczu śródmięśniowego (IMF). *Wiadomości Zootechniczne*, R. LIV (2016), 1: 92-98.
72. **Vincent B., DeBock K., Rarnaekers M., Ramaekers M., Van den Eede E, Van Leemputte M., Hespel P., Thomis M.A.** 2007. ACTN3 (R577X) genotype is associated with fiber type distribution. *Physiological Genomics*, 32: 58-63.
73. **Wajda S., Daszkiewicz T.** 2001. Kulinarne mięso wołowe i ocena jego właściwości organoleptycznych. *Gospodarka Mięsna*, 9: 18-22.
74. **Wajdzik J.** 2018. Charakterystyka mięsa o dobrej jakości. *Ogólnopolski Informator Masarski*, 2: 30-42.



75. **Wojnar J., Kasprzyk B.** 2014. Tendencje i prognozy w spożyciu mięsa w Polsce w latach 1989–2016. *Stowarzyszenie Ekonomistów Rolnictwa i Agrobiznesu*, 16(4): 335-340.
76. **Wood J.D., Enser M., Fisher A.V., Nute G.R., Richardson R.I., Sheard P.R.** 1999. Manipulating meat quality and composition. *Proceedings of the Nutrition Society*, 58: 363-370.
77. **Zawadka M., Michalik J.** 2016. Polimorfizm genu *ACTN3* w sporcie i fizjoterapii. *Journal of Education, Health and Sport*, 6(8):219-226.
78. **Zhang L., Guo Y., Wang L., Liu X, Yan H., Gao H., Hou X., Zhang Y., Guo H., Yue J., An J., Wang L.** 2020. Genomic variants associated with the number and diameter of muscle fibers in pigs as revealed by a genome-wide association study. *Animal*, 14(3):475-481.

### 13. Spis adresów URL

- URL 1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (dostęp: 18.03.2021)
- URL 2. <http://www.ensembl.org/> (dostęp: 19.04.2022)
- URL 3. <https://primer3.ut.ee/> (dostęp: 20.05.2021)
- URL 4. <http://biotools.nubic.northwestern.edu/OligoCalc.html> (dostęp: 17.01.2021)
- URL 5. [http://insilico.ehu.eus/restriction/two\\_seq/](http://insilico.ehu.eus/restriction/two_seq/) (dostęp: 19.05.2021)
- URL 6. <https://nc3.neb.com/NEBcutter/> (dostęp: 28.06.2021)
- URL 7. <https://www.restrictionmapper.org> (dostęp: 20.03.2022)
- URL 8. <https://rgd.mcw.edu/rgdweb/report/genomeInformation/genomeInformation.html?species=Pig&assembly=Pig+Sscrofa10.2+Assembly> (dostęp 26.03.2024)
- URL 9. [https://www.ensembl.org/Sus\\_scrofa/Info/Annotation](https://www.ensembl.org/Sus_scrofa/Info/Annotation) (dostęp 26.03.2024)
- URL 10. <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index> (dostęp 26.03.2024)