
JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE, BIOLOGY AND BIOECONOMY

wcześniej – formerly
Annales UMCS sectio EE Zootechnica

VOL. XXXVIII (2)

2022

CC BY–NC–ND

<http://dx.doi.org/10.24326/jasbb.2022.2.1>

Zakład Hodowli i Biotechnologii Świń, Wydział Biologii, Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki,
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, ul. Akademicka 13, 20-950 Lublin, Polska
e-mail: marek.babicz@up.lublin.pl

MAREK BABICZ^{id}, PIOTR WITKOWSKI,
KINGA KROPIWIEC-DOMAŃSKA^{id}, DAMIAN ZARAJCZYK,
KRZYSZTOF SKALSKI, MARIANNA WACKO

Analiza asocjacji pomiędzy polimorfizmem genu hormonu wzrostu (*GH/HaeII*) a cechami jakości tuszy wieprzowej i mięsa

Analysis of the association between the polymorphism of the growth hormone gene
(*GH/HaeII*) and quality of fatteners carcass and meat traits

Streszczenie. Celem badań było określenie jakości tusz wieprzowych oraz cech fizycznych i składu chemicznego polędwicy i szynki w odniesieniu do polimorfizmu w *locus GH*. W doświadczeniu wykorzystano tuczniki mieszańce ras: wielkiej białej polskiej, polskiej białej zwisłouchej, duroc i pietrain, utrzymywane w gospodarstwie indywidualnym na terenie woj. podkarpackiego. Polimorfizm genu GH (SNP intron 2/ ekson 2) oznaczono metodą PCR-RLFP, wykorzystując enzym restrykcyjny *HaeII*. Określono zależności pomiędzy poszczególnymi genotypami a wskaźnikami umięśnienia i otluszczenia tuszy oraz cechami fizycznymi i składem chemicznym polędwicy i szynki. Stwierdzono, że tuczniki o genotypie AA w porównaniu z tucznikami o genotypie AG charakteryzowała istotnie wyższa zawartość tkanki mięśniowej, udział wody luźnej w polędwicy i tłuszczu w szynce oraz niższa zawartość masy całej szynki i szynki bez skóry i kości oraz zawartość tłuszczu w polędwicy. Z kolei heterozygoty cechowały się istotnie wyższą masą całej polędwicy i szynki oraz zawartością tłuszczu w szynce.

Słowa kluczowe: tuczniki, gen hormonu wzrostu, tusza, mięso, jakość

WSTĘP

Średnia konsumpcja mięsa w Polsce w ostatnich dwóch dekadach wynosi ok. 70 kg na 1 mieszkańca, z czego blisko 57% stanowi mięso wieprzowe [Blicharski i in. 2015, Rozkrut 2021]. Jest ono surowcem kulinarnym szczególnie preferowanym przez konsumentów nie tylko ze względu na tradycję, ale również z uwagi na wysoką wartość odżywczą i walory sensoryczne oraz niską cenę [Moskal i Michalska 2017]. Obecnie konsument,

zgodnie z trendem tzw. świadomego odżywiania się, zwraca szczególną uwagę na jakość mięsa kulinarnego. Stąd potrzeba określenia jak największej liczby elementów kształtujących te parametry. Głównymi czynnikami genetycznymi wpływającymi na jakość technologiczną i konsumpcyjną mięsa wieprzowego są rasa lub model krzyżowania, z jakiego pochodzi tucznik, oraz, jak wynika z przeprowadzonych badań, genotyp zwierzęcia [Kurył i in. 2003, Florowski i in. 2007, Sieczkowska i in. 2007, Cebulska 2015].

Trwające od lat 90. XX w. badania genomu świni przyniosły wymierne efekty w postaci wytypowania markerów genetycznych dla cech jakości tuszy i mięsa wieprzowego. Wśród nich, w grupie genów kandydujących, wymienia się gen hormonu wzrostu (*GH*), którego działanie wiąże się ze wzrostem i różnicowaniem komórek w procesie rozwoju mięśni szkieletowych [Knorr i in. 1997, Putnova i in. 2001].

Hormon wzrostu należy do czynników wzrostowych osi somatotropowej i ich receptorów wchodzących w skład grupy regulatorów wzrostu i rozwoju masy ciała. Jest wydzielany przez tzw. somatotropy w części gruczołowej przysadki mózgowej, a jego sekrecję do krwi kontrolują neurohormony podwzgórzowe: czynnik uwalniający hormon wzrostu (GHRH) oraz somatostatyna (SST) [Matteri i in. 2000].

Gen hormonu wzrostu u świni domowej (*Sus scrofa* f. *domestica*) jest umiejscowiony na krótkim ramieniu chromosomu 12 i składa się z 5 eksonów, których całkowita transkrybowana długość wynosi 1,7 kb [Yerle i in. 1993]. Wykryto i opisano kilkanaście wariantów polimorfizmu w *locus GH*, w tym miejsca polimorficzne w obrębie drugiego eksonu *GH* identyfikowane enzymem restrykcyjnym *HaeII* [Kirkpatrick 1992]. Z uwagi na rolę, jaką w organizmie pełni hormon wzrostu, przeprowadzono badania w odniesieniu do polimorfizmu genu *GH* (SNP intron 2/ ekson 2, restryktaza *HaeII*) i cech jakości tusz oraz mięsa wieprzowego. W wielu pracach wykazano występowanie asocjacji pomiędzy uzyskanymi genotypami genu hormonu wzrostu u świń Landrace, Large White, Meishan, Pietrain oraz ich mieszańców a otluszczeniem tuszy, powierzchnią „oka” polędwicy i jakością mięsa, a gen hormonu wzrostu wskazano jako gen kandydujący dla wskaźników otluszczenia [Knorr i in. 1997, Putnova i in. 2001, Franco i in. 2005]. Odmienne wyniki zaprezentowali Rybarczyk i in. [2007] oraz Kmiec i in. [2010], którzy nie stwierdzili, aby polimorfizm istotnie różnicował cechy użytkowości rzeźnej tuczników Landrace oraz mieszańców tej rasy z rasami Duroc, Yorkshire, Pietrain. Stąd potrzeba kolejnych analiz pozwalających na sprecyzowanie tych zależności.

Celem badań było określenie jakości tusz wieprzowych oraz cech fizycznych i składu chemicznego polędwicy i szynki w odniesieniu do polimorfizmu w *locus GH*.

MATERIAŁ I METODY

Tuczniki mieszańce (F1♀ (♀wielka biała polska × ♂polska biała zwisłoucha) × F1♂ (♀duroc × ♂pietrain)) objęte doświadczeniem utrzymywano w gospodarstwie indywidualnym, w kojcach ściółkowych zgodnie z wymaganiami dobrostanu [Rozporządzenie... 2010]. Wybór modelu krzyżowania wynikał z oczekiwań producentów tuczników w Polsce wschodniej i południowo-wschodniej oraz wymagań zakładów mięsnych zlokalizowanych w tych regionach (województwo podkarpackie). W gospodarstwie stosowano żywienie w systemie na sucho, do woli, mieszką zawierającą komponenty żywieniowe bilansowane przez producenta w zależności od zapotrzebowania przez zwierzęta [Grela i Skomial 2020]. Po uprzednio wykonanych wstępnych badaniach genotypu, do dalszej

analizy przeznaczono grupę 60 tuczników (loszki), po 20 szt. w każdym genotypie genu *GH* (AA, AB, BB).

Uboje tuczników doświadczalnych przeprowadzono w Zakładzie Przetwórstwa Mięsnego przy masie ciała wynoszącej 117 kg (± 2 kg). Mięśność (procentową zawartość chudego mięsa) tuszy ustalono za pomocą urządzenia CGM firmy SYDEL (kod YXX20123.01.T01). Pomiar wykonano metodą schabową oznaczając grubość słoniny i wysokość „oka” polędwicy w punkcie C₇, tj. na wysokości ostatniego żebra w odległości 7 cm od linii przecięcia tuszy na półtusze. Po 24-godz. chłodzeniu w temp. 2–4°C prawe półtusze poddawano rozbiorowi, wyodrębniając części zasadnicze, w tym przeznaczone do dalszej analizy: polędwicę i szynkę. Wyręby te poddano dysekcji, uwzględniając ich masę: bez skóry (b/s), bez skóry i kości (b/s/k), bez skóry, kości i tłuszczu (b/s/k/t). Próby o masie 150 g do badań laboratoryjnych pobrano z polędwicy (*m. longissimus dorsi*) i szynki (*m. semimembranosus*) w celu określenia cech fizycznych i chemicznych. Pomiaru pH polędwicy i szynki dokonano 45 min oraz 24 h po uboju aparatem PH-Star CPU firmy Matthäus. Procentowy udział wody luźnej (WHC – water-holding capacity) określono metodą Grau’a i Hamma [1952] w modyfikacji Pohja i Niinivaara [1957]. Używając analizatora mięsa FoodScan™ (FOOS), wykorzystującego spektrometrię transmisyjną w bliskiej podczerwieni (NIR), zgodnie z normą PN-A-82109 [2010] określono procentową zawartość: wody, białka ogółem, tłuszczu ogółem oraz kolagenu. Wartość kaloryczną brutto (kJ 100 g⁻¹) obliczono na podstawie zawartości białka ogólnego i tłuszczu, przyjmując dla 1 g białka i tłuszczu równoważniki energetyczne odpowiednio: 23,64 kJ i 39,54 kJ.

Materiał biologiczny do badań DNA stanowiły próby tkanki mięśniowej polędwicy. Izolację DNA przeprowadzono przy użyciu gotowych zestawów firmy Qiagen: Dneasy® Blood & Tissue Kit, zgodnie z procedurą podaną przez producenta. Reakcję PCR przeprowadzono z wykorzystaniem termocyklera PTC-200 Peltier Thermal Cycler (MJ Research). Sekwencje primerów dla genu hormonu wzrostu (*GH*) opracowano na podstawie danych literaturowych [Kirkpatrick 1992]. Całkowita objętość mieszaniny reakcyjnej PCR dla każdej próby wynosiła 15 μ l i zawierała 7,5 μ l odczynnika REDTaq® Ready-Mix™ PCR Reaction Mix (Sigma-Aldrich), 0,2 μ l (5 μ M) każdego z primerów (Sigma-Aldrich/Genomed), 5,9 μ l wody wolnej od nukleaz (Sigma-Aldrich) oraz 1,2 μ l (20 ng/ μ l) DNA. Warunki termiczne dopracowano testowymi reakcjami PCR w gradiencie temperaturowym. Do trawienia uzyskanych produktów PCR wykorzystano enzym restrykcyjny *HaeII* firmy BioLabs Inc. Rozdziału elektroforetycznego uzyskanego produktu PCR, po trawieniu enzymami restrykcyjnymi, dokonano w żelu agarozowym (SIGMA).

Analizę statystyczną przeprowadzono za pomocą oprogramowania SAS (version 9.4 by SAS Institute Inc. Cary, NC) z wykorzystaniem wieloczynnikowej analizy wariancji. Weryfikację wartości analizowanych cech przeprowadzono przy wykorzystaniu modelu mieszanego:

$$y_{ij} = \mu + G_i + b + e_{ij}$$

gdzie uwzględniono:

y_{ij} – wartość badanej cechy,

μ – średnia wartość cechy,

G_i – stały efekt genotypu w badanym *locus*,

b – współczynnik regresji dla wieku uboju,

e_{ij} – błąd losowy.

WYNIKI I DYSKUSJA

W wyniku przeprowadzonych badań wykazano zależności pomiędzy polimorfizmem w *locus GH* a parametrami umięśnienia i otłuszczenia tusz. Stwierdzono, że najgrubszą słoniną cechowały się osobniki heterozygotyczne *GH* AB (tab. 1). Różnice pomiędzy skrajnymi wartościami (genotyp AB i AA) okazały się statystycznie istotne ($p \leq 0,05$). Również w odniesieniu do mięsności zaobserwowano różnice pomiędzy genotypami. Homozygoty AA charakteryzowały się mięsnością na poziomie 58,6 % i była to wartość istotnie ($p \leq 0,05$) wyższa o 3,4% w porównaniu do heterozygot AB.

Badania genu hormonu wzrostu w odniesieniu do cech jakości tuszy wieprzowej przeprowadzone w latach 90. XX w. wykazały, że może być on ważnym markerem otłuszczenia świń [Casas-Carrilo i in. 1994, Knorr i in. 1997]. Wenjun i in. [2003], analizując otłuszczenie i mięsność świń w odniesieniu do polimorfizmu genu *GH*, wykazali, że osobniki mieszańce Nanchang White (Large Yorkshire \times Binhu Black) o genotypie AA miały grubszą słoninę (2,51 cm) w porównaniu do świń o genotypach AB (2,46 cm) i BB (2,45 cm). Natomiast w odniesieniu do mięsności autorzy ci wykazali istotne różnice dla rasy Yorkshire, gdzie homozygoty BB cechowały się wyższym udziałem tkanki mięśniowej (59,18%) niż świnię z genotypem AA (58,28%). Pierzchała i in. [2004], analizując wartość rzeźną tuczników mieszańców ras pbz, wbp, duroc, pietrain, wykazali wpływ polimorfizmu genu hormonu wzrostu na grubość słoniny, lecz w odniesieniu do mutacji identyfikowanej restryktazą MspI. Natomiast Kurył i in. [2003] w doświadczeniu wykonanym na tucznikach linii 990 zaobserwowali zależność między wskaźnikami mięsności tuszy a polimorfizmem genu *GH* wykrywanym enzymem *HaeII*. Autorzy ci wskazali genotyp AA jako najmniej korzystny dla tego parametru jakości tuszy. Stwierdzenia te, odmienne od uzyskanych w badaniach własnych (tab. 1), mogą wynikać z genetycznej specyfiki ras użytych w doświadczeniu, co wymusza prowadzenie badań obejmujących jak największą liczbę ras i linii świń w celu otrzymania jednoznacznej odpowiedzi.

Analiza wyników dyssekcji szynki w zależności od genotypu tuczników w *locus GH* wykazała istotny ($p \leq 0,05$) wpływ genotypu na masę szynki całej oraz szynki bez skóry i kości, gdzie różnica pomiędzy genotypami AB i AA wyniosła odpowiednio 1,12 kg oraz 0,83 kg (AB > AA) (tab. 2).

Tabela 1. Wskaźniki umięśnienia i otłuszczenia tusz tuczników w zależności od genotypu genu *GH*

Table 1. Indicators of muscle and fatness of fatteners carcasses depending on the genotype of *GH* gene

Genotypy <i>GH</i> <i>GH</i> genotypes	Grubość słoniny Backfat thickness (mm)	Wysokość „oka” połędwicy Height of a loin „eye” (mm)	Mięsność Meatness (%)
	średnia \pm SD / mean \pm SD		
AA	15,61 ^a \pm 5,56	68,8 \pm 3,9	58,6 ^a \pm 5,6
AB	18,11 ^b \pm 5,30	65,9 \pm 3,0	55,2 ^b \pm 1,1
BB	17,01 ^{ab} \pm 4,38	67,4 \pm 2,5	56,7 ^{ab} \pm 5,4

a, b... – w kolumnach różnią się istotnie przy $p \leq 0,05$
a, b... – differ significantly in the columns at $p \leq 0,05$

Wskaźniki fizyczne wchodzą w skład grupy czynników określających jakość wieprzowiny. Spośród nich najważniejsze znaczenie dla szybkiego określenia zmian zachodzących w mięsie *post mortem* i jego przydatności technologicznej mają pomiar pH i wodochłonności mięsa [Kortz 2001]. Spośród analizowanych genotypów genu hormonu wzrostu najwyższe wartości pH₄₅ i pH₂₄ w polędwicy zanotowano dla homozygot AA. W przypadku szynki najwyższe pH₄₅ stwierdzono u homozygot BB, a pH₂₄ u homozygot AA. Jakkolwiek zaobserwowane różnice pomiędzy poszczególnymi układami alleli nie zostały potwierdzone statystycznie, co oznacza brak wpływu polimorfizmu GH na omawiany wskaźnik (tab. 3 i 4). Istotne asocjacje wykazano pomiędzy polimorfizmem genu hormonu wzrostu a wartością WHC w polędwicy. Stwierdzono, że heterozygoty AB cechowały się niższym o 4,66% udziałem wody luźnej ($p \leq 0,05$) w porównaniu z homozygotami AA (tab. 3).

Tabela 2. Wyniki dysekcji polędwicy i szynki w zależności od genotypu tuczników w *locus GH*
Table 2. Dissection results of loin and ham depending on the genotype of fatteners at the *GH locus*

Genotypy <i>GH</i> <i>GH genotypes</i>	Polędwica Loin				Szynka Ham			
	cała whole (kg)	b/s w/s (kg)	b/s/k w/s/b (kg)	b/s/k/t w/s/b/f (kg)	cała whole (kg)	b/s w/s (kg)	b/s/k w/s/b (kg)	b/s/k/t w/s/b/f (kg)
	średnia \pm SD / mean \pm SD							
AA	7,41 $\pm 0,63$	7,12 $\pm 0,62$	5,95 $\pm 0,76$	4,41 $\pm 0,70$	14,43 ^a $\pm 0,92$	13,69 $\pm 0,85$	12,45a $\pm 0,77$	10,49 $\pm 0,91$
AB	7,73 $\pm 0,56$	7,28 $\pm 0,72$	5,89 $\pm 0,77$	4,19 $\pm 0,60$	15,55 ^b $\pm 0,99$	14,48 $\pm 0,97$	13,28 ^b $\pm 0,90$	11,28 $\pm 0,72$
BB	7,27 $\pm 0,71$	6,98 $\pm 0,75$	5,70 $\pm 0,66$	4,32 $\pm 0,66$	14,76 ^{ab} $\pm 0,73$	13,92 $\pm 0,89$	12,68 ^{ab} $\pm 0,89$	10,83 $\pm 0,85$

a, b... – w kolumnach różnią się istotnie przy $p \leq 0,05$

a, b... – differ significantly in the columns at $p \leq 0.05$

Tabela 3. Właściwości fizyczne polędwicy w zależności od genotypu tuczników w *locus GH*
Table 3. Physical properties of loin depending on the genotype of fatteners at the *GH locus*

Genotypy <i>GH</i> <i>GH genotypes</i>	pH ₄₅	pH ₂₄	WHC
	średnia \pm SD / mean \pm SD		
AA	6,35 $\pm 0,36$	5,68 $\pm 0,16$	23,98 ^a $\pm 1,96$
AB	6,32 $\pm 0,38$	5,61 $\pm 0,18$	19,32 ^b $\pm 2,57$
BB	6,33 $\pm 0,31$	5,66 $\pm 0,20$	22,18 ^{ab} $\pm 1,71$

a, b... – w kolumnach różnią się istotnie przy $p \leq 0,05$

a, b... – differ significantly in the columns at $p \leq 0.05$

Badania molekularne przeprowadzone przez Rybarczyka i in. [2007] na osobnikach hybrydowych PIC w odniesieniu do polimorfizmu genu hormonu wzrostu nie wykazały istotnych asocjacji w omawianym zakresie analiz. Wartość WHC dla mięsa, jaką przed-

stawiono, wynosiła 17,94%, była więc niższa od uzyskanej w badaniach własnych dla polędwicy i wyższa w odniesieniu do szynki (tab. 3 i 4).

Na podstawie badań własnych oraz wyników innych autorów [Kurył i in. 2003, Pierzchała i in. 2004, Rybarczyk i in. 2007, Kmiec i in. 2010] można stwierdzić, że tuczники należące do różnych ras, ale o tym samym genotypie w danym locus GH, wykazują znaczne zróżnicowanie co do jakości tuszy i mięsa, co wyklucza uniwersalność tego polimorfizmu w odniesieniu do gatunku świni domowej.

Tabela 4. Właściwości fizyczne szynki w zależności od genotypu tuczników w *locus GH*
Table 4. Physical properties of loin depending on the genotype of fatteners at the *GH locus*

Genotypy <i>GH</i> <i>GH</i> genotypes	pH ₄₅	pH ₂₄	WHC
	średnia ±SD /mean ±SD		
AA	6,36 ±0,27	5,73 ±0,21	15,51 ±1,89
AB	6,39 ±0,27	5,68 ±0,17	16,07 ±2,27
BB	6,51 ±0,25	5,66 ±0,19	16,70 ±1,54

Tabela 5. Skład chemiczny oraz wartość energetyczna polędwicy w zależności od genotypu tuczników w *locus GH*

Table 5. Chemical composition and energy value of loin depending on the genotype of fatteners in the *GH locus*

Genotypy <i>GH</i> <i>GH</i> genotypes	Woda Water (%)	Tłuszcz Intramuscular fat (%)	Białko Protein (%)	Kolagen Collagen (%)	Wartość energetyczna Energy value (kJ/100 g)
	średnia ±SD / mean ±SD				
AA	72,54 ±6,38	1,97 ^a ±0,62	23,96 ±2,17	0,97 ±0,19	644,15 ±72,15
AB	71,90 ±7,58	2,66 ^b ±0,60	23,46 ±2,14	0,99 ±0,17	659,48 ±64,59
BB	72,74 ±8,59	2,43 ^{ab} ±0,35	23,28 ±2,33	0,91 ±0,17	646,31 ±68,97

a, b... – w kolumnach różnią się istotnie przy $p \leq 0,05$

a, b... – differ significantly in the columns at $p \leq 0.05$

Dane liczbowe przeprowadzonych badań molekularnych w aspekcie zależności pomiędzy polimorfizmem w *locus GH* a wartością odżywczą polędwicy i szynki zawarto w tabelach 5 i 6. Analiza statystyczna wykazała istotną asocjację w odniesieniu do udziału tłuszczu w analizowanych elementach tuszy. Najwięcej (2,66%) tego składnika zanotowano w polędwicy tuczników heterozygotycznych, a stwierdzona różnica ($p \leq 0,05$) w porównaniu z homozygotami AA wynosiła 0,69 punktów procentowych. Z kolei w szynce wykazano odwrotną zależność, tj. największą zawartość tłuszczu (3,47%) zaobserwowano u tuczników *GHAA*, a statystycznie potwierdzona różnica ($p \leq 0,05$) wynosiła 0,47 punktów procentowych w porównaniu z tucznikami *GHAB*, jakkolwiek odnotowane wartości mogą być jedynie przypadkowym efektem oddziaływania polimorfizmu genu *GH*. Tendencje te miały swoje przełożenie na wartość energetyczną ocenianych wyrębów,

gdyż najwyższą kalorycznością polędwicy i szynki charakteryzowały się osobniki o układzie alleli odpowiednio AB (659,48 kJ) oraz AA (643,01 kJ), przy czym nie wykazano statystycznych zależności.

Tabela 6. Skład chemiczny oraz wartość energetyczna szynki w zależności od genotypu tuczników w *locus GH*

Table 6. Chemical composition and energy value of ham depending on the genotype of fatteners in the *GH locus*

Genotypy <i>GH</i> <i>GH</i> genotypes	Woda Water (%)	Tłuszcz Intramuscular fat (%)	Białko Protein (%)	Kolagen Collagen (%)	Wartość energetyczna Energy value (kJ/100 g)
	średnia \pm SD / mean \pm SD				
AA	73,96 \pm 5,07	3,47 ^a \pm 1,14	21,40 \pm 1,66	1,21 \pm 0,11	643,01 \pm 68,98
AB	74,17 \pm 6,29	3,00 ^b \pm 1,62	21,89 \pm 1,79	1,20 \pm 0,11	636,12 \pm 58,75
BB	74,07 \pm 6,76	3,32 ^{ab} \pm 1,45	21,56 \pm 1,72	1,35 \pm 0,09	641,08 \pm 64,27

a, b... – w kolumnach różnią się istotnie przy $p \leq 0,05$

a, b... – differ significantly in the columns at $p \leq 0.05$

Rybarczyk i in. [2007] w badaniach na tucznikach PIC nie wykazali istotnych zależności pomiędzy polimorfizmem w *locus GH* a składem chemicznym mięsa. Autorzy ci zanotowali, że zawartość białka wynosiła 22,31%, a tłuszczu 2,07%. Wartości te były niższe od prezentowanych w tabelach 5 i 6.

WNIOSKI

1. Analiza asocjacji polimorfizmu genu GH z parametrami otłuszczenia oraz umięśnienia tuszy wykazała, że najgrubszą słoniną cechowały się osobniki heterozygotyczne, natomiast w tuszach tuczników o genotypie AA stwierdzono najwyższą zawartość tkanki mięśniowej.

2. Ocena udziału handlowej postaci szynki, tj. bez skóry i kości, wykazała najwyższe wartości w odniesieniu do heterozygot AB ($AB > AA$).

3. Stwierdzono istotne oddziaływanie polimorfizmu w *locus GH* na wartość wskaźnika wodochłonności polędwicy. Najwięcej wody luźnej zawierały polędwice pozyskane z tusz tuczników o układzie alleli AA.

4. Zanotowano istotne asocjacje pomiędzy polimorfizmem w *locus GH* a udziałem tłuszczu w polędwicy i szynce. Najwięcej tego składnika znajdowało się w polędwicy tuczników heterozygotycznych, a w szynce u osobników o genotypie AA.

5. Wyniki badań nie wskazują na jednoznaczny wpływ analizowanego polimorfizmu genu GH na cechy jakości tuszy i mięsa.

PIŚMIENNICTWO

Blicharski T., Książek P., Pospiech E., Międał W., Józwick A., Poławska E., Lisiak D., 2015. Aktualna wartość dietetyczna wieprzowiny, jej znaczenie w diecie i wpływ na zdrowie konsumentów.

- Opracowanie wyników badań laboratoryjnych. Praca zbiorowa, Polski Związek Hodowców i Producentów Trzody Chlewnej POLSUS, Warszawa.
- Casas-Carrilo E., Prill-Adams A., Price S.G., Kirkpatrick B.W., 1994. 5th World Congress Genet. Appl. Livest. Prod. August 7–12, Guelph, 21, 272.
- Cebulska A., 2015. Jakość mięsa świń polskich ras rodzimych i mieszańców wysokoprodukcyjnych oraz jego przydatność do pozyskiwania żywności o właściwościach funkcjonalnych. Rozprawa doktorska, Bydgoszcz.
- Florowski T., Pisula A., Rola M., Adamczak L., 2007. Wpływ krzyżowania towarowego świń rasy puławskiej z rasami wbp i pbz na jakość kulinarną mięsa. *Rocz. Inst. Przem. Mięś. Tuszcz.* 55(1), 25–34.
- Franco M.M., Antunes R.C., Silva H.D., Goulart L.R., 2005. Association of PIT1, GH and GHRH polymorphisms with performance and carcass traits in Landrace pigs. *J. Appl. Genet.* 46(2), 195–200.
- Grau R., Hamm R., 1952. Eine einfache methode zur bestimmung der wasserbindung in fleisch. *Fleischwirtschaft* 4, 295–297.
- Grela E.R., Skomial J. (red.), 2020. Zalecenia żywieniowe i wartość pokarmowa pasz dla świń. IFiZZ PAN, Jabłonna.
- Kirkpatrick B.W., 1992. HaeII and MspI polymorphisms are detected in the second intron of the porcine growth hormone gene. *Anim. Genet.* 23, 180–181. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1992.tb00039.x>
- Kmieć M., Koćwin-Podsiadła M., Terman A., Krzęcio E., Grzelak T., 2010. Zróżnicowanie cech jakości tuszy w zależności od polimorfizmu genu hormonu wzrostu GH/HaeII. *Acta Sci. Pol. Zoot.*, 9, 11–20.
- Knorr C., Moser G., Muller E., Gelderman H., 1997. Associations of GH gene variants with performance traits in F2 generations of European wildboar, Pietrain and Meishan pigs. *Anim. Genet.* 28, 124–128. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00093.x>
- Kortz J., 2001. Ocena surowców rzeźnych. Wyd. AR w Szczecinie.
- Kurył J., Kapelański W., Pierzchała M., Bocian M., Grajewska S., 2003. A relationship between genotypes at the GH and LEP loci and carcass meat and fat deposition in pigs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 21(1), 15–26.
- Matteri R.L., Carroll J.A., Dyer C.J., 2000. Neuroendocrine responses to stress. In: Moberg G.P., Mench J.A. 2000. *The biology of animal stress*. CABI Publishing, Wallingford–New York.
- Moskal M., Michalska G., 2017. Preferencje konsumentów związane z zakupem i spożywaniem mięsa. *Wiad. Zoot.* 55(4), 10–21.
- Pierzchała M., Blicharski T., Kurył J., 2004. Growth rate and carcass quality in relation to GH/MspI and GH/HaeII PCR-RFLP polymorphism in pigs. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 22(1), 57–64.
- PN-A-82109 (2010). Mięso i przetwory mięsne – Oznaczenie zawartości tłuszczu, białka i wody – Metoda spektrometrii transmisyjnej w bliskiej podczerwieni (NIT) z wykorzystaniem kalibracji na sztucznych sieciach neuronowych (ANN).
- Pohja N.S., Niinivaara F.P., 1957. Die bestimmung der wasserbindung im fleisch mittels der konstantdrückmethode. *Fleischwirtschaft* 43(9), 193–195.
- Putnova L., Krenkova L., Vrotkova I., Dvorak J., Pietruszka A., Czarnecki R., 2001. Association of the DdeI growth hormone gene polymorphism with some performance traits in Polish Large White and Czech Large White × Polish Large White pigs. *J. Appl. Genet.* 42, 317–324.
- Rozkrut D. (red.), 2021. *Rocznik Statystyczny Rolnictwa*, Warszawa.
- Rybarczyk A., Kmieć M., Karamucki T., Terman A., 2007. Association of growth hormone (GH) gene polymorphism with carcass and meat quality traits in POC hybrid pigs. *Arch. Tierz.* 2, 205–213.
- Rozporządzenie Ministra Rolnictwa i Rozwoju Wsi z dnia 15 lutego 2010 r. w sprawie wymagań i sposobu postępowania przy utrzymywaniu gatunków zwierząt gospodarskich, dla których normy ochrony zostały określone w przepisach Unii Europejskiej (Dz.U. 2010 nr 56, poz. 344, z późn. zm.).

- Sieczkowska H., Zybert A., Antosik K., Koćwin-Podsiadła M., Kamiński S., Wójcik E., Kmieć M., 2007. The effect of interaction between PKM2 and GLUT4 genotypes on pork quality. Proceeding of 53rd International Congress of Meat Science Technology, Beijing, China, 269–270.
- Wenjun W., Lusheng H., Jun G., Shui D.N., Kefei C., Jun R., Ming L., 2003. Polymorphism of growth hormone gene in 12 pig breeds and its relationship with pig growth and carcass traits. *Asian Austral. J. Anim. Sci.*, 16(2), 161–164. <https://doi.org/10.5713/ajas.2003.161>
- Yerle M., Lahbib-Mansais Y., Thomsen P.D., Gellin J., 1993. Localization of the porcine growth hormone gene to chromosome 12 p1,2–p1,5. *Anim. Genet.* 24, 129–131. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1993.tb00254.x>

Źródło finansowania: Badania naukowe zostały sfinansowane z subwencji MNiSW na utrzymanie i rozwój potencjału badawczego w latach 2016–2018.

Summary. The aim of the research was to determine the quality of fatteners carcasses as well as the physical characteristics and chemical composition of the loin and ham in relation to the polymorphism in the *GH* locus. In the experiment were used fatteners hybrids of the following breeds: Polish Large White, Polish Landrace, Duroc and Pietrain, kept on an individual farm in the Podkarpackie Voivodeship. *GH* gene polymorphism (SNP intron 2/ exon 2) was determined by PCR-RLFP method, using restriction enzyme *HaeII*. Relationships between particular genotypes and the indicators of muscle and fatness of the carcass as well as physical characteristics and chemical composition of the loin and ham were set out. The AA genotype fatteners, compared to the AG genotype fatteners were characterized by a significantly higher content of muscle tissue, the proportion of loose water in the loin and fat in the ham, and a lower content in the weight of the whole ham and ham without skin and bones, and the fat content in the loin. Heterozygotes were characterized by significantly higher weight of the whole loin and ham and fat content in the ham.

Key words: fatteners, growth hormone gene, carcass, meat, quality

Otrzymano/ Received: 16.08.2022
Zaakceptowano/ Accepted: 7.09.2022

