

ZRÓŻNICOWANIE CECH JAKOŚCI TUSZY TUCZNIKÓW W ZALEŻNOŚCI OD POLIMORFIZMU GENU HORMONU WZROSTU (*GH/HaeII*)

Marek Kmiec¹, Maria Koćwin-Podsiadła², Arkadiusz Terman¹,
Elżbieta Krzęcio², Tomasz Grzelak¹

¹ Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

² Akademia Podlaska w Siedlcach

Streszczenie. Analizowano zależności pomiędzy polimorfizmem *GH/HaeII* a cechami użytkowości tucznej i rzeźnej tuczników. DNA do badań izolowano z pełnej krwi 369 tuczników należących do pięciu grup rasowych: Landrace, Landrace x Duroc, Landrace x Yorkshire, (Landrace x Yorkshire) x Duroc, (Landrace x Yorkshire) x (Duroc x Pietrain). Częstość występowania alleli polimorfizmu *GH/HaeII* wynosiła odpowiednio: *A* – 0,168 i *C* – 0,832. Porównując liczebności obserwowane w grupach genotypowych *GH/HaeII* z liczebnościami teoretycznie skalkulowanymi zgodnie z regułą Hardy’ego-Weinberga nie stwierdzono różnic statystycznie istotnych. Wykazano istotny statystycznie wpływ grupy rasowej na badane cechy użytkowości tucznej i rzeźnej oraz wykazano statystycznie istotną interakcję między grupą rasową a polimorfizmem *GH/HaeII* dla tempa wzrostu tuczników. Wykazano, że sam polimorfizm *GH/HaeII* nie różnicował w sposób statystycznie istotny żadnej z analizowanych cech użytkowości tucznej i rzeźnej badanej grupy tuczników.

Słowa kluczowe: hormon wzrostu, jakość mięsa, jakość tuszy, polimorfizm DNA, świnie

WSTĘP

W ostatnim trzydziestolecu doskonalenie trzody chlewnej doprowadziło do zwiększenia udziału mięsa w tuszy, przyrostów dobowych masy ciała, wykorzystania paszy oraz poprawy wskaźników rozrodu. Postęp ten oznacza równocześnie maksymalizację zysku w produkcji świń [Brandt 1998]. Poprawa cech tucznych i rzeźnych świń przyczyniła się do wyhodowania ras i linii wybitnie mięsnych, szybko rosnących, co uzyskano jednak kosztem obniżenia jakości mięsa [Eikelenboom i in. 1996; Kirchheim i in. 1997]. Mimo

Adres do korespondencji – Corresponding author: prof. dr hab. inż. Marek Kmiec, Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie, ul. Doktora Judyma 6, 71-466 Szczecin, e-mail: Marek.Kmiec@zut.edu.pl

że poprawie mięsności tuczników towarzyszy wzrost występowania odchyleń jakościowych, to jednak ze względów ekonomicznych nie może być odwrotu od drogi doskonalenia trzody chlewnej. Ten stan rzeczy determinują bowiem niewątpliwe praktyczne wymagania, takie jak popyt na chude mięso oraz większa rentowność produkcji żywca wieprzowego. Mając do dyspozycji najnowsze techniki identyfikacji genotypów i genów oraz oparty na jej wynikach program krzyżowania, zapobiegający jednoczesnemu wzrostowi częstości występowania wad jakości mięsa, będzie można uzyskać w populacji masowej tuczniaki o wysokiej zawartości mięsa i zadowalającej jego jakości [Kaczorek i in. 1998]. Dynamiczny rozwój metod genetyki molekularnej umożliwił poznanie lokalizacji, struktury oraz funkcjonowania genów odpowiedzialnych za kształtowanie cech ilościowych. Wykorzystując metodę łańcuchowej reakcji polimerazy (PCR) do analizy polimorfizmu genu, uznanego za „gen kandydat”, którego produkty uczestniczą w procesach fizjologicznych warunkujących daną cechę ilościową, możliwe stało się szybkie doskonalenie cech istotnych z ekonomicznego punktu widzenia. Interesującą grupę regulatorów wzrostu i rozwoju masy ciała stanowią czynniki wzrostowe osi somatotropowej i ich receptory. Należy do nich między innymi hormon wzrostu (GH), wydzielany w somatotropach – komórkach części gruczołowej przysadki mózgowej, a jego sekrecja do krwi znajduje się pod kontrolą neurohormonów podwzgórzowych – GHRH oraz STS. Hormon wzrostu, działając poprzez swoje receptory błonowe (GHR), stymuluje aktywność podległych mu innych hormonów, wytwarzanych głównie w wątrobie oraz tkance mięśniowej – tzw. somatomedyn (substancji wzrostowych podobnych do insuliny – IGF). Gen hormonu wzrostu zlokalizowany jest u świń na krótkim ramieniu chromosomu 12 [Yerle 1993] i składa się z 5 eksonów, których całkowita transkrybowana długość wynosi 1,7 kb [Vize i Wells 1987]. Stwierdzono występowanie polimorfizmu genetycznego genu hormonu wzrostu u świń i opisano około 20 wariantów genetycznych genu hormonu wzrostu u różnych ras i linii świń [Seeburg i in. 1983; Vize i Wells 1987; O'Mahony i in. 1989; Kirkpatrick i Huff 1990; Nielsen i Larsen 1991; Kirkpatrick i in. 1993; Schellander i in. 1994; Handler i in. 1995; Jiang i in. 1996; Knorr i in. 1997]. Wykazano zależności pomiędzy poszczególnymi wariantami genetycznymi genu hormonu wzrostu u świń a otłuszczeniem tuszy i jakością mięsa [Gelderman i in. 1996; Knorr i in. 1997] oraz powierzchnią oka poledwicy i otłuszczeniem [Casas-Carrillo i in. 1994] wskazując, że gen hormonu wzrostu u świń jest genem-kandydatem dla otłuszczenia [Knorr i in. 1997], a zwłaszcza haplotyp AA/BB (*HaeII/MspI*) – Puntova i in. [2001].

W związku z licznymi doniesieniami o zależnościach między wariantami genetycznymi genu hormonu wzrostu a cechami użytkowości mięsnej w trzody chlewnej postanowiono w niniejszej pracy przeprowadzić: 1) detekcję mutacji w genie hormonu wzrostu; 2) ustalenie struktury genetycznej materiału badawczego na podstawie częstości występowania poszczególnych genotypów i alleli genu hormonu wzrostu w analizowanym materiale badawczym; 3) przeprowadzić analizę zależności między polimorfizmem *GH/HaeII* a cechami użytkowości tucznej i rzeźnej badanej grupy tuczników.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 369 tuczników należących do pięciu grup rasowych: landrace – L [75], landrace x duroc – L x D [107], landrace x yorkshire – L x Y [68], (landrace x yorkshire) x duroc – (L x Y) x D [75], (landrace x yorkshire) x (duroc x pietrain) – (L x Y) x (D x P) [44]) i był wyrównany w zakresie warunków utrzymania i żywienia, płci, masy ubojowej ($m_{tc} = 85$ kg), warunków uboju (automatyczne oszalaianie elektryczne; 250 V; linia Inarco holenderskiej firmy STORK) i postępowania poubojowego z tuszami.

W celu oznaczenia polimorfizmu w genie hormonu wzrostu, DNA do badań izolowano z pełnej krwi, a w reakcji PCR wykorzystywano sekwencje starterowe zaprojektowane przez Kirkpatrick i in. [1992]. Produkt amplifikacji genu wielkości 506 par zasad poddawano działaniu czterech jednostek enzymu restrykcyjnego *HaeII* przez 3 godziny w temperaturze 37°C. Produkty analizy restrykcyjnej rozdzielano elektroforetycznie w żelach agarozowych z dodatkiem bromku etydyny. Elektroforezę prowadzono w 1-krotnie stężonym buforze TBE. Wyniki rozdziału elektroforetycznego odczytywano w świetle UV za pomocą zestawu do wizualizacji i archiwizacji rozdzielców elektroforetycznych. Otrzymane wyniki analizy PCR-RFLP fragmentu genu *GH* poddano analizie statystycznej. Wykorzystując pakiet obliczeniowy „STATGEN”, przeprowadzono analizę struktury genetycznej badanego stada loch określając: 1) częstości występowania alleli i genotypów *GH/HaeII* oraz ich częstości oczekiwane; 2) częstości występowania genotypów homo- i heterozygotycznych oraz ich częstości oczekiwane; 3) istotność różnic weryfikowano testem Chi². Analizę zależności przeprowadzono za pomocą analizy wariancji dwuczynnikowej w układzie nieortogonalnym, uwzględniającej wpływ grupy rasowej i badanego polimorfizmu. Całą analizę zależności przeprowadzono na grupie 354 tuczników wolnych od allelu *RYR1^T*, który uznany jest za gen wpływający na cechy jakości tuszy i jakości mięsa.

WYNIKI I DISKUSJA

Zastosowane sekwencje starterowe pozwoliły na amplifikację fragmentu genu hormonu wzrostu wielkości 506 bp, który obejmował część intronu 2, cały ekson 2 i część intronu 3, a następnie poddawano działaniu enzymu restrykcyjnego *HaeII*, który identyfikował mutację w eksonie 2 genu hormonu wzrostu. Po elektroforezie w 1,5-procentowym żelu agarozowym w obecności markera wielkości fragmentów DNA pUC19/*MspI* stwierdzono występowanie fragmentów DNA wielkości 506 par zasad – genotyp *CC*; 506, 333 i 173 par zasad dla genotypu *AC* oraz fragmenty wielkości 333 i 173 pary zasad dla genotypu *AA*.

W analizowanym stadzie tuczników stwierdzono występowanie trzech genotypów *GH/HaeII*, (*AA*, *AC* i *CC*) warunkowanych przez dwa allele. Allel *A* występował z częstością 0,168 natomiast allel *C* z częstością 0,832. Należy stwierdzić, że w badanych grupach rasowych tuczników allel *C* występował z wyższą częstością niż w grupach rasowych knurów inseminacyjnych, badanych przez Kmiec i in. [2007]. Stwierdzono, że w badanym

stadzie tuczników genotyp *AA* występował z częstością 0,008, genotyp *AC* z częstością 0,320, natomiast genotyp *CC* z częstością 0,672 – tab. 1. Znacznie niższą częstość występowania genotypu *CC* (4%) w stadzie świń rasy wielkiej białej polskiej i w stadzie świń rasy złotnickiej pstrej (36%) oraz brak występowania tego genotypu w stadzie świń rasy pietrain stwierdzili Kurył i in. [2003]. Również Kmieć i in. [2007] wykazali znacznie niższą częstość występowania genotypu *CC* u świń rasy wielkiej białej polskiej (0,06), jak również świń pochodzących z krzyżowania między rasami duroc i pietrain (0,12), hampshire i pietrain (0,12) oraz u świń syntetycznej linii PIC (0,22). Wykazali oni również niższą frekwencję genotypu *CC* u knurów rasy landrace (0,46) niż w badanych grupach tuczników rasy landrace.

Tabela 1. Frekwencje genotypów i alleli *GH/HaeII* w badanych grupach rasowych tuczników
Table 1. Frequency of genotypes and *GH/HaeII* alleles among examined breed groups of fatteners

Grupa rasowa Breed group	n	Genotypy <i>GH/HaeII</i> <i>GH/HaeII</i> genotypes			Allele <i>GH/HaeII</i> Alleles <i>GH/HaeII</i>	
		<i>AA</i>	<i>AC</i>	<i>CC</i>	<i>A</i>	<i>C</i>
Landrace	75	0,013	0,240 ^{AB}	0,747 ^A	0,133 ^{AB}	0,867
Landrace x Yorkshire	68	0,000	0,221 ^{CD}	0,779 ^{BC}	0,110 ^{CD}	0,890
Landrace x Duroc	107	0,009	0,187 ^{EF}	0,804 ^{DE}	0,103 ^{EF}	0,897
(L x Y) x Duroc	75	0,013	0,560 ^{ACE}	0,427 ^{ABD}	0,293 ^{ACE}	0,707
(L x Y) x (D x P)	44	0,000	0,523 ^{BDF}	0,477 ^{CE}	0,261 ^{BDF}	0,739
Ogółem Totally	369	0,008	0,320	0,672	0,168	0,832

Frekwencje w kolumnach oznaczone tą samą literą różnią się między sobą istotnie. Małymi literami oznaczono istotność różnic przy $P \leq 0,05$, dużymi literami oznaczono istotność różnic przy $P \leq 0,01$.

Frequency in columns marked with the same letter are statistically different. Significance of the differences at $P \leq 0.05$ was marked with small letters, and significance of the differences at $P \leq 0.01$ was marked with capital letters.

Podobnie Urban i in. [2002], prowadząc badania w stadzie świń rasy duroc stwierdzili niższą częstość występowania genotypu *CC* (21%). Analizując częstości występowania poszczególnych genotypów *GH/HaeII* w badanych grupach rasowych tuczników stwierdzono istotne statystycznie różnice w frekwencji genotypu *AC* i *CC*. Natomiast częstości występowania genotypu *AA* w poszczególnych grupach rasowych tuczników były niskie, a różnice między nimi małe i nie zostały statystycznie potwierdzone.

W analizowanym stadzie nie stwierdzono zachwiania równowagi genetycznej na podstawie porównania liczebności grup genotypowych *GH/HaeII* z liczebnościami teoretycznie skalkulowanymi zgodnie z regułą Hardy’ego-Weinberga dla żadnej z badanych grup rasowych tuczników – tab. 2.

Tabela 2. Liczebność obserwowana (obs.) i oczekiwana (oczek.) genotypów *GH/HaeII* w badanych grupach rasowych tucznikówTable 2. Expected (exp.) and observed (obs.) abundance of the *GH/HaeII* genotypes among

Grupa rasowa Breed group	Razem obs./oczek. Overall obs./exp.	Genotypy <i>GH/HaeII</i> <i>GH/HaeII</i> genotypes			Istotność różnic Significance of the differences
		<i>AA</i>	<i>AC</i>	<i>CC</i>	
Landrace	75/75,0	1/1,3	18/17,3	56/56,3	0,9291 ^{ns}
Landrace x yorkshire	68/68,0	0/0,8	15/13,3	53/53,8	0,8049 ^{ns}
Landrace x duroc	107/107,0	1/1,1	20/19,7	86/86,1	0,9745 ^{ns}
(L x Y) x duroc	75/75,0	1/6,5	42/31,1	32/37,5	0,2079 ^{ns}
(L x Y) x (D x P)	44/44,0	0/3,0	23/17,0	21/24,0	0,3628 ^{ns}

n.s. – różnice statystycznie nieistotne; n.s. – statistically non-significant differences.

Analizując częstości występowania genotypów homozygotycznych *GH/HaeII* wykazano, że największą homozygotycznością charakteryzowały się tuczniki pochodzące z krzyżowania świń rasy landrace ze świniami rasy duroc, natomiast najniższą homozygotycznością charakteryzowały się tuczniki pochodzące z krzyżowania (landrace x yorkshire) x duroc. Uzyskane różnice w częstości występowania genotypów homozygotycznych *GH/HaeII* pomiędzy zwierzętami z poszczególnych grup rasowych tuczników zostały statystycznie potwierdzone ($P \leq 0,01$) – tab. 3.

Tabela 3. Częstość występowania homo- i heterozygotycznych genotypów *GH/HaeII* w badanych grupach rasowych tucznikówTable 3. Frequency of homo- and heterozygous *GH/HaeII* genotypes occurrence among

Grupa rasowa Breed group	N	Homozygoty Homozygous		Heterozygoty Heterozygous	
		n	częstość frequency	n	częstość frequency
Landrace	75	57	0,760 ^{AB}	18	0,240
Landrace x yorkshire	68	53	0,779 ^{CD}	15	0,221
Landrace x duroc	107	87	0,813 ^{EF}	20	0,187
(L x Y) x duroc	75	33	0,440 ^{ACE}	42	0,560
(L x Y) x (D x P)	44	21	0,477 ^{BDF}	23	0,523

Częstości w kolumnach oznaczone tą samą literą różnią się między sobą istotnie. Małymi literami oznaczono istotność różnic przy $P \leq 0,05$, dużymi literami oznaczono istotność różnic przy $P \leq 0,01$. Frequencies in columns marked with the same letter are statistically different. Significance of the differences at $P \leq 0.05$ was marked with small letters, and significance of the differences at $P \leq 0.01$ was marked with capital letters.

Przeprowadzono analizę zależności między poszczególnymi genotypami *GH/HaeII* a cechami charakteryzującymi jakość tuszy wieprzowej oraz jakość mięsa, takimi jak: tempo wzrostu (g na dzień), wiek w dniu uboju (dni), długość środkowa tuszy (cm), średnia grubość słoniny z pięciu pomiarów (cm), masa karkówki (kg), masa łopatki (kg), masa boczku (kg), masa szynki (kg), masa polędwicy (kg), powierzchnia oka polędwicy (cm kw.), masa mięsa wyrębów podstawowych (kg), zawartość mięsa w tuszy wg SKURTCH (%).

Analizę zależności przeprowadzono za pomocą analizy wariancji dwuczynnikowej w układzie nieortogonalnym. Całą analizę zależności prowadzono na grupie 352 tuczników wolnych od allelu *RYR1^T*, który uznany jest za gen wpływający na cechy jakości tuszy i jakości mięsa wieprzowego a liczebność poszczególnych genotypów w grupach genetycznych, przedstawiano w tab. 4. W analizie zależności nie uwzględniono genotypu *AA* analizowanego polimorfizmu *GH/HaeII*, ponieważ genotyp ten został zidentyfikowany tylko u dwóch osobników badanej grupy tuczników.

Tabela 4. Liczebność poszczególnych genotypów analizowanego polimorfizmu *GH/HaeII*
Table 4. Abundance of individual genotypes of analyzed *GH/HaeII* polymorphism Genotype *GH/HaeII*

Genotypy <i>GH/HaeII</i> <i>GH/HaeII</i> genotypes	Grupa rasowa – Breed groups					Razem Totally
	L	L x D	L x Y	(LxY) x D	(LxY)x(DxP)	
<i>CC</i>	56	86	53	32	14	241
<i>CA</i>	18	21	15	42	15	111
<i>AA</i>	1	0	0	1	0	2
Ogółem – Totally	75	107	68	75	29	354

Przeprowadzona dwuczynnikowa analiza wariancji wykazała, że na masę karkówki, powierzchnię oka polędwicy i zawartość mięsa w tuszy nie miała wpływu przynależność do grupy rasowej. Na wszystkie pozostałe badane cechy użytkowości tucznej i rzeźnej zanotowano statystycznie istotny wpływ grupy rasowej ($P \leq 0,05$ i $P \leq 0,01$) – tab. 5.

Wykazano natomiast, że polimorfizm *GH/HaeII* nie różnicował w sposób statystycznie istotny żadnej z analizowanych cech użytkowości tucznej i rzeźnej badanej grupy tuczników. Jednak należy zaznaczyć, że większość z badanych cech użytkowości tucznej i rzeźnej była nieznacznie wyższa w grupie zwierząt, u których stwierdzono występowanie genotypu *AC*. Uzyskane wyniki po części potwierdzają doniesienia innych autorów, którzy wykazali istotne statystycznie różnice w cechach użytkowości tucznej i rzeźnej u świń rasy duroc [Urban i in. 2002], świń linii torhyb [Kurył i in. 2003] oraz u świń pochodzących z krzyżowania zwierząt rasy wielkiej białej polskiej i złotnickiej [Pierchala i in. 1999].

Tabela 5. Wyniki analizy wariancji uwzględniającej oddziaływanie grupy rasowej i polimorfizmu *GH/HaeII* na badane cechy jakości tuszy

Tabela 5. Results of variance analysis allowing of an influence of breed group

Cecha Trait	Średnia Mean ±SD	Oddziaływanie – Effect		
		grupa rasowa breed groups	genotyp genotype	interakcja interaction
Tempo wzrostu, g na dzień Rate of growth, g per day	680,06 ±78,73	7,47**	0,01 ^{ns}	4,66**
Wiek w dniu uboju, dni Age on slaughter day, days	159,32 ±14,11	20,13**	0,41 ^{ns}	1,08 ^{ns}
Długość środkowa tuszy, cm Middle carcass length, cm	82,06 ±2,73	6,71**	2,18 ^{ns}	0,14 ^{ns}
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów, cm Mean backfat thickness in 5 measurements, cm	2,01 ±0,29	4,29**	0,99 ^{ns}	2,01 ^{ns}
Masa karkówki, kg Neck meat mass, kg	5,37 ±0,52	1,92 ^{ns}	3,50 ^{ns}	0,51 ^{ns}
Masa łopatki, kg Wing bone mass, kg	6,04 ±0,39	5,25**	3,61 ^{ns}	0,43 ^{ns}
Masa boczku, kg Bacon mass, kg	6,55 ±0,58	11,94**	2,65 ^{ns}	0,64 ^{ns}
Masa szynki, kg Ham mass, kg	10,34 ±0,58	15,20**	1,72 ^{ns}	0,50 ^{ns}
Masa połówicy, kg Loin mass, kg	8,47 ±0,74	35,74**	0,90 ^{ns}	0,57 ^{ns}
Powierzchnia oka połówicy, cm ² Area of a loin eye, cm ²	51,82 ±5,79	2,12 ^{ns}	0,93 ^{ns}	1,27 ^{ns}
Masa mięsa wyrebów podstawowych, kg Meat mass in particular primary cuts, kg	23,36 ±1,01	2,92*	0,73 ^{ns}	1,95 ^{ns}
Zawartość mięsa w tuszy, % Meat content in carcass, %	56,51 ±2,47	1,76 ^{ns}	0,06 ^{ns}	2,20 ^{ns}

* $P \leq 0,05$; ** $P \leq 0,01$; n.s. – różnice statystycznie nieistotne.

* $P \leq 0,05$; ** $P \leq 0,01$; n.s. – statistically non-significant differences.

U świń stwierdzono związki pomiędzy cechami produkcyjnymi i genotypami zwierząt w locus genu hormonu wzrostu. Badano cechy użytkowości mięsnej w pokoleniu F_2 mieszańców ras pietrain, meishan i dzika [Geldermann i in. 1996; Knorr i in. 1997], między innymi otłuszczenie, jakość mięsa i oporność na stres. Dotychczas tylko powierzchnia oka połówicy [Casas-Carrilo i in. 1994] i cechy związane ze stopniem otłuszczenia były powiązane z wariantami genu somatotropiny. Uznano, że gen hormonu wzrostu u świń jest genem-kandydatem dla otłuszczenia [Knorr i in. 1997].

Tabela 6. Wartości średnie i odchylenia standardowe badanych cech jakości tuszy tuczników w zależności od polimorfizmu *GH/HaeII*Table 6. Mean values and standard deviations of examined traits of fatteners carcass quality according to *GH/HaeII* polymorphism

Cecha Trait	Ogółem Totally	Genotypy <i>GH/HaeII</i> <i>GH/HaeII</i> genotypes		F _{emp.}
		<i>AC</i>	<i>CC</i>	
Liczebność, osobniki Abundance, individual	352	111	241	
Tempo wzrostu, g na dzień Rate of height, g per day	679,94 ±78,90	692,65 ±72,18	676,46 ±80,49	0,01 ^{ns}
Wiek w dniu uboju, dni Age at slaughter day, days	160,04 ±13,01	161,25 ±12,43	159,51 ±13,30	0,41 ^{ns}
Długość środkowa tuszy, cm Middle carcass length, cm	82,06 ±2,73	82,29 ±2,93	81,88 ±2,57	2,18 ^{ns}
Średnia grubość słoniny z 5 pomiarów, cm Mean backfat thickness in 5 measurements, cm	2,02 ±0,29	2,00 ±0,30	2,02 ±0,28	0,99 ^{ns}
Masa karkówki, kg Neck meat mass, kg	5,37 ±0,52	5,45 ±0,48	5,32 ±0,54	3,50 ^{ns}
Masa łopatki, kg Wing bone mass, kg	6,04 ±0,39	6,01 ±0,37	6,05 ±0,40	3,61 ^{ns}
Masa boczku, kg Bacon mass, kg	6,56 ±0,58	6,38 ±0,62	6,64 ±0,54	2,65 ^{ns}
Masa szynki, kg Ham mass, kg	10,34 ±0,58	10,38 ±0,55	10,32 ±0,59	1,72 ^{ns}
Masa polędwicy, kg Loin mass, kg	8,49 ±0,74	8,65 ±0,71	8,38 ±0,74	0,90 ^{ns}
Powierzchnia oka polędwicy, cm ² Area of a loin eye, cm ²	51,84 ±5,79	52,31 ±5,97	51,61 ±5,72	0,93 ^{ns}
Masa mięsa wyrebów podst, kg Meat mass in particular primary cuts, kg	23,36 ±1,01	23,53 ±1,07	23,29 ±0,98	0,73 ^{ns}
Zawartość mięsa w tuszy, % Meat content in carcass, %	56,51 ±2,47	56,75 ±2,67	56,40 ±2,38	0,06 ^{ns}

PODSUMOWANIE

Przeprowadzone badania udowodniły występowanie polimorfizmu pojedynczego nukleotydu, występującego w drugim eksonie genu hormonu wzrostu, identyfikowanego za pomocą endonukleazy *HaeII* we wszystkich badanych grupach rasowych tuczników. Stwierdzono również, że frekwencje poszczególnych alleli, jak i genotypów *AC* i *CC* różniły się istotnie statystycznie między poszczególnymi grupami rasowymi tuczników ($P \leq 0,05$ i $P \leq 0,01$).

W analizowanych grupach rasowych tuczników nie zaobserwowano zachwiania równowagi genetycznej, bowiem porównując liczebności obserwowane w grupach genoty-

powych *GH/HaeII* z liczebnościami, teoretycznie skalkulowanymi zgodnie z regułą Hardy'ego-Weinberga, nie stwierdzono różnic statystycznie istotnych.

Przeprowadzone badania wykazały istotny statystycznie wpływ grupy rasowej na badane cechy użytkowości tucznej i rzeźnej oraz wykazano statystycznie istotną interakcję między grupą rasową a polimorfizmem *GH/HaeII* dla tempa wzrostu tuczników. Wykazano natomiast, że sam polimorfizm *GH/HaeII* nie różnicował w sposób statystycznie istotny żadnej z analizowanych cech użytkowości tucznej i rzeźnej badanej grupy tuczników.

Praca naukowa finansowana ze środków na naukę w latach 2007–2008 jako projekt badawczy nr N311 039 32/2610.

PIŚMIENNICTWO

- Brandt H., 1998. Współczesna problematyka jakości mięsa świń. Pr. Mater. Zootech. (Zesz. Specjalny) 8, 33–38.
- Casas-Carrillo E., Prill-Adams A., Price S.G., Kirkpatrick B.W., 1994. 5th World Congress Genet. App. Livest. Prod. August 7–12, Guelph, 21, 272.
- Eikelenboom G., Hoving-Bolink A.H., Van der Wal P.G., 1996. Die Verzehrsqualität von Schweinefleisch. 1. Einfluss des End-pH Wertes. Fleischwirtschaft 76 (4), 405–406.
- Geldermann H., Muller E., Beeckmann P., Knorr C., Yue G., Moser G., 1996. Mapping of *quantitative trait loci* by means of marker genes in F₂ generations of wild boar, Pietrain and Meishan pigs. J. Anim. Breed. Genet. 113, 381–387.
- Handler J., Schmoll F., Stur J., Brem G., Schellander K., 1995. Distribution of *Apal* i *CfoI* polymorphisms of the porcine growth-hormone (pGH) gene in two ryr 1 genotyped Austrian pig breeds. J. Anim. Breed. Genet. 113, 57–61.
- Jiang Z.H., Rottmann O.J., Pirchner F., 1996. Hha I enzyme reveals genetic polymorphisms at the second exon of porcine-growth-hormone gene. J. Anim. Breed. Genet. 113 (6), 553–558
- Kirchheim U., Schone F., Reichard W., 1997. Einfluss das intramuskularen Fettes auf Parameter das Fleschbeschaffenheit. Fleischwirtschaft 77 (5), 410–411.
- Kaczorek S., Przybylski W., Koćwin-Podsiadła M., Tarczyńska B., 1998. Mięśność tusz i wady PSE i DFD mięsa tuczników pogłowia masowego ubijanych w dwóch zakładach mięsnych w środkowo-wschodniej Polsce. Pr. Mater. Zootech. (Zesz. Specjalny) 8, 51–56.
- Kirkpatrick B.W., Huff B.M., 1990. Detection of insertion polymorphism in 5' flank and second intron of the porcine growth hormone gene. Anim. Genet. 22, 192–193.
- Kirkpatrick B.W., Huff B.M., Casas-Carrillo E., 1993. Double-strand DNA confirmation polymorphisms as a source of highly polymorphic genetic markers. Anim. Genet. 24, 155–161.
- Kirkpatrick B.W., 1992. *HaeII* and *MspI* polymorphisms are detected in the second intron of the porcine growth hormone gene. Anim. Genet. 23 (2), 180–181.
- Kmieć M., Terman A., Wierzbicki H., Zych S., 2007. Growth hormone gene polymorphism of boars, Acta Veter. 76, 41–46.
- Knorr C., Moser G., Muller E., Gelderman H., 1997. Associations of GH gene variants with performance traits in F₂ generations of European wild boar, Pietrain and Meishan pigs. Anim. Genet. 28, 124–128.

- 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.
- Nielsen V.H., Larsen N.J., 1991. Restriction fragment length polymorphisms at the growth hormone gene in pigs. *Anim. Genet.* 22, 291–294.
- O'Mahony D.J., Wang H., Mc Connell D.J., Jia F., Xia L., 1989. Polymorphism in porcine somatotropin cDNA sequences. *Anim. Genet.* 20, 313–316.
- Pierzchała M., Korwin-Kosakowska A., Zwierzchowski L., Łukasiewicz M., Zięba G., Kurył J., 1999. Hae II and MspI polymorphism of growth hormone gene in pigs and its association with production traits. *Czech J. Anim. Sci.* 44, 441–445.
- 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 x Polish Large White pigs. *J. Appl. Genet.* 42, 317–324.
- Schellander K., Peli J., Kneissl F., Schmoll F., Mayr B., 1994. Variation of the growth hormone gene in Ryr 1 genotyped Austrian pig breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 111, 162–166.
- Seeburg P.H., Stacey S., Adelman J., 1983. Efficient bacterial expression of bovine and porcine growth hormones. *DNA* 2, 37–45.
- Urban T., Kuciel J., Mikolášová R., 2002. Polymorphism of genes encoding for ryanodine receptor, growth hormone, leptin and MYC protooncogene protein and meat production in Duroc pigs. *Czech J. Anim. Sci.* 47 (10), 411–417.
- Vize P.D., Wells J.R.E., 1987. Isolation and characterization of the porcine growth hormone gene. *Genet.* 55, 339–344.
- 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.

VARIABILITY OF QUALITY OF FATTENERS CARCASS TRAITS CONNECTED WITH POLYMORPHISM IN GROWTH HORMONE GENE (*GH/HAEII*)

Abstract. Correlation between *GH/HaeII* polymorphism and fattening and slaughter performances of fatteners was analyzed. Genomic DNA was extracted from the whole blood of 369 fatteners that belong to five different breed groups: Landrace, Landrace x Duroc, Landrace x Yorkshire, (Landrace x Yorkshire) x Duroc, (Landrace x Yorkshire) x (Duroc x Pietrain). The frequency of occurrence of *GH/HaeII* allele polymorphism amounted to: *A* – 0.168 and *C* – 0.832, respectively. By comparison of expected abundance in *GH/HaeII* genotype groups with theoretical calculated abundance according to the Hardy-Weinberg law statistically significant difference were not found. Statistically significant influence on examined fattening and slaughter performances, and statistically significant interaction between breed group and *GH/HaeII* polymorphism for rate of growth of fatteners were shown. The *GH/HaeII* polymorphism itself did not differ in statistically significant way any of analyzed traits of fattening and slaughter performances within examined group of fatteners.

Key words: Carcass quality, DNA polymorphism, Growth hormone, Meat quality, Pigs

Zaakceptowano do druku – Accepted for print: 25.05.2010