



Streszczenie rozprawy doktorskiej mgr Ilony Mitka pt.:

**ROLA WYBRANYCH GENÓW SZLAKU BIOSYNTETY TRIACYLOGLICEROLI
W KSZTAŁTOWANIU PARAMETRÓW JAKOŚCIOWYCH I SENSORYCZNYCH
MIĘSA WIEPRZOWEGO**

Wykonanej pod kierunkiem dr hab. Mirosław Tyra, prof. IZ

Promotor pomocniczy: dr hab. Katarzyna Ropka-Molik

Cechy jakości mięsa odznaczają się niską odziedziczalnością, a selekcja prowadzona w oparciu o tradycyjne metody jest trudna i powolna. Dodatkowe utrudnienie stanowi fakt, że cechy te mierzone są poubojowo. W celu poprawy cech jakości mięsa (w tym najważniejszego parametru, jakim jest zawartość tłuszczu śródmięśniowego (IMF) w mięśniu najdłuższym grzbietu), skuteczniejsza wydaje się być selekcja wspomagana markerami genetycznymi (MAS). W badaniach będących przedmiotem tej rozprawy doktorskiej uwaga została skupiona na genach z rodziny *GPAT*, jako potencjalnych markerach genetycznych związanych z zawartością IMF, a tym samym jakością mięsa. Będące produktem tych genów enzymy *GPAT* (ang. *glycerol-3-phosphate acyltransferase enzymes*) katalizują pierwszy etap w procesie syntezy triacylogliceroli (TG), czyli podstawowego składnika tłuszczów zwierzęcych i głównego składnika IMF.

Celem przeprowadzonych badań było ustalenie, czy istnieje związek pomiędzy genami *GPAT1* i *GPAT2*, a wybranymi cechami jakości mięsa, parametrami tekstury oraz cechami tucznymi i rzeźnymi w zarodowym pogłowie trzody chlewnej w Polsce. Identyfikację zmian polimorficznych przeprowadzono na mniejszym materiale badawczym, we wszystkich regionach kodujących obu genów oraz w regionie regulatorowym 3'UTR genu *GPAT1*, przy użyciu metody PCR-HRM oraz sekwencjonowania. Określenie frekwencji alleli oraz genotypów, jak i określenie związku dla wybranych zmian polimorficznych badanych genów z wyżej wymienionymi cechami użytkowymi oraz parametrami jakości i tekstury mięsa przeprowadzono metodą PCR-RFLP na całości materiału doświadczalnego, obejmującego 948 świń należących do pięciu ras (wbp, pbz, Puławska, Duroc, Pietrain). Dodatkowo, przeprowadzono analizę ekspresji badanych genów w trzech tkankach (*m. longissimus lumborum*, tłuszcz okrywowy, wątroba) z zastosowaniem techniki Real-Time PCR.

W *locus* genu *GPAT1* wykazano obecność 39 mutacji, spośród których 12 znajdowało się w regionach kodujących, 13 w intronach i 14 w regionie regulatorowym 3'UTR. Z kolei w *locus* genu *GPAT2* zidentyfikowano jedynie trzy mutacje, z których 1 położona była w regionie 5'UTR, a 2 w intronach. Do dalszych analiz wybrano cztery mutacje (g.133513422C>T, g.133476803T>C, g.133476733C>T, g.48497102G>A),

o prawdopodobnie największym wpływie na funkcję genu lub powstającego białka. Dodatkowo, mutacje te zmieniały miejsce cięcia enzymów restrykcyjnych.

Analiza statystyczna wykazała istotny związek pomiędzy analizowanymi polimorfizmami, a wybranymi cechami jakości i tekstury mięsa oraz cechami dotyczącymi odtuszczenia i umięśnienia tuszy. W odniesieniu do mutacji g.133513422C>T genu *GPAT1* statystyczny związek odnotowano dla: wydajności rzeźnej, parametrów opisujących polędwicę, zawartości IMF w *m. longissimus lumborum*, odczynu pH mięśnia półbłoniastego szynki oraz twardości mięsa polędwicy, promując osobniki o genotypie CC i CT. Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała także istnienie związku pomiędzy mutacją drugą genu *GPAT1* (g.133476803T>C), a: masą polędwicy, zawartością IMF, barwą mięsa (L*) i jego twardością. W tym przypadku korzystniejszymi wartościami cechowały się osobniki o genotypie TT. Z kolei mutacja trzecia genu *GPAT1* (g.133476733C>T) wywierała istotny wpływ na cechy takie jak: masa polędwicy, masa wyrębów podstawowych, odczyn pH *m. longissimus lumborum* i jego twardość, a lepszymi wartościami podobnie jak w przypadku mutacji pierwszej odznaczały się zwierzęta o genotypie CC i CT. Statystycznie istotne różnice wykazano również pomiędzy mutacją w genie *GPAT2* (g.48497102G>A), a: wydajnością rzeźną, masą polędwicy, długością środkową tuszy, zawartością IMF, oraz wskaźnikami twardości *m. longissimus lumborum*, faworyzując osobniki posiadające w swoim genotypie allel G względem wymienionych cech.

Badania ekspresji genów *GPAT1* i *GPAT2* wykazały statystycznie istotną różnicę w poziomie mRNA genu *GPAT1* pomiędzy badanymi tkankami oraz rasami. Najwyższą ekspresję genu *GPAT1* odnotowano w wątrobie i była ona ponad 28 razy wyższa niż w *m. longissimus lumborum* oraz o 70 razy wyższa niż w tłuszczu okrywowym. Ponadto, w *m. longissimus lumborum* istotnie wyższy poziom transkryptu zaobserwowano dla rasy Duroc w porównaniu do pozostałych badanych ras. Z kolei ekspresję genu *GPAT2* wykazano jedynie w wątrobie, przy czym nie wykazano statystycznych różnic w jej poziomie pomiędzy rasami. Analiza korelacji pomiędzy poziomem ekspresji badanych genów, a parametrami jakości mięsa i tuszy wykazała istnienie najwyższego związku pomiędzy poziomem ekspresji genu *GPAT2* w wątrobie, a spoistością i odbojnością *m. longissimus lumborum* ($P \leq 0.01$).

Przeprowadzone badania wskazują na brak możliwości wykorzystania badanych mutacji genów *GPAT1* i *GPAT2* w procesach selekcyjnych ze względu na brak kierunkowego oddziaływania w odniesieniu do cech jakości mięsa i pozostałych cech produkcyjnych, w tym mięsności i odtuszczenia. Interesujące wydają się być wyniki przeprowadzonych analiz związku ekspresji badanych genów z cechami produkcyjnymi, dlatego też zalecane jest kontynuowanie badań w tym kierunku.