

ARTUR RYBARCZYK, ARKADIUSZ PIETRUSZKA, JERZY KORTZ,
ROMAN CZARNECKI

WPLYW POLIMORFIZMU GENU RYR1 I MYF4 NA MIĘSNOŚĆ I JAKOŚĆ MIĘSA TUCZNIKÓW MIESZAŃCÓW

Streszczenie

Badania przeprowadzono na 120 tucznikach, w tuszach których po uboju oznaczano genotyp RYR1 i MYF4. Tusze poddano dysekcji wg SKURTC_h, określono jakość mięsa oraz częstość występowania mięsa normalnego i wadliwego. U tuczników o genotypie TT względem RYR1 stwierdzono wyższą mięsność tusz i częstość występowania mięsa wadliwego typu PSE w stosunku do tuczników o genotypie CC. U tuczników o genotypie heterozygotycznym (CT) stwierdzono najwięcej tusz z mięsem normalnym przy niższym udziale tusz z mięsem częściowo PSE i PSE. Tuczniaki o genotypie AA względem MYF4 cechowały się lepszą jakością mięsa w stosunku do tuczników o genotypie AB na podstawie zawartości białka rozpuszczalnego i dominującej długości fali. W analizowanym materiale, w odniesieniu do większości cech jakości mięsa oraz mięsności nie stwierdzono współdziałania genotypów RYR1 x MYF4.

Słowa kluczowe: trzoda chlewna, genotyp, mięsność, jakość mięsa.

Wstęp

Do wzrostu częstości występowania mięsa PSE przyczynia się obecność genu RYR1^T w pogłowie ubijanych tuczników, przy czym u homozygot recesywnych (RYR1^TRYR1^T) obserwuje się obniżenie jakości mięsa z jednoczesną poprawą mięsności w stosunku do zwierząt nieobciążonych tym genem, tj. homozygot dominujących (RYR1^CRYR1^C), zaś heterozygoty (RYR1^CRYR1^T) odznaczają się wyższą mięsnością tusz w stosunku do homozygot dominujących (CC) oraz lepszą jakością mięsa w odniesieniu do homozygot recesywnych (TT) [6].

Geny MYF4 należą natomiast do rodziny MyoD, kodujących czynniki transkrypcyjne genów białek specyficznych dla mięśni, odpowiedzialne za prawidłowy przebieg różnicowania się i rozwoju mięśni [9]. Kurył i wsp. [10] wykazali, że genotyp MYF4

istotnie wpływa na masę i zawartość mięsa w szynce, powierzchnię oka polędwicy i zawartość chudego mięsa w tuszy. Z kolei genotyp MYF5 istotnie wpływał na te same cechy z wyjątkiem zawartości mięsa w szynce. W badaniach Kłosowskiej i wsp. [5] odnotowano istotny wpływ genotypów MyoD na cechy mikrostruktury mięśnia najdłuższego grzbietu, natomiast nie wykazano istotnego wpływu genotypu względem badanych genów MyoD na jakość mięsa w porównaniu z zakresem oddziaływania genotypu RYR1 na te cechy [5].

Celem podjętych badań była ocena jakości mięsa i mięsności oraz częstości występowania mięsa normalnego i wadliwego w zależności od genotypu RYR1 i MYF4.

Materiał i metody badań

Przebadano jakość mięsa 120 tuczników mieszańcowych, odchowanych na fermie tuczu trzody chlewnej Zootechnicznego Zakładu Doświadczalnego w Kołbaczu. Komponent ojcowski stanowiły knury mieszańcowe z udziałem takich ras jak pietrain, duroc i linia 990, natomiast komponent mateczny lochy mieszańcowe wbp x pbz. Tuczniki utrzymywano i karmiono indywidualnie, a wartość energetyczna i podstawowy skład chemiczny zastosowanej w badaniach mieszanki były zgodne z Normami Żywienia Świń [11].

Tuczniki po osiągnięciu masy ciała 100 ± 2 kg zostały poddane ubojowi w doświadczalnej rzeźni ZZD w Kołbaczu. W trakcie uboju pobierano krew do analizy DNA metodą PCR/RFLP w celu identyfikacji poszczególnych genotypów RYR1 (CC, CT, TT) oraz genotypów MYF4 (AA, AB, BB) [14]. Oznaczenia genotypów RYR1 i MYF4 dokonano na 119 tucznikach. Około 45 min po uboju mierzono odczyn mięsa pH_1 w mięśni LD w odcinku między 4 a 5 kręgiem lędźwiowym prawej półtuszy. Następnie po 24-godz. chłodzeniu w chłodni ZZD Kołbacz, tusze poddawano dysekcji w zakładzie MAS-AR w Szczecinie wg metodyki stosowanej w SKURTCh [13] oraz określano pH_{24} mięsa. W trakcie rozbioru pobierano próby z mięśnia najdłuższego grzbietu z odcinka 1-4 kręgu lędźwiowego prawej półtuszy.

Około 48 godz. po uboju, w laboratorium przeprowadzano ocenę sensoryczną mięsa surowego (barwy, wodności i sprężystości), oznaczano: cechy barwy (jasność, dominującą długość fali, nasycenie i trwałość barwy), zdolność wiązania wody (wodochłonność i wyciek termiczny) oraz zawartość białka rozpuszczalnego w wodzie, zgodnie z metodami podanymi przez Kortza [8]. W oparciu o wartości cech jakości mięsa wyliczano wskaźnik jakości mięsa Q_{11} , na podstawie którego szacowano częstość występowania mięsa normalnego i wadliwego w badanym materiale. Wyniki opracowano statystycznie wykorzystując program komputerowy Statistica PL.

Wyniki i dyskusja

Homozygoty recesywne (TT) cechowały się najwyższą mięsnością tusz (tab. 1) w stosunku do tuczników o genotypie heterozygotycznym (Nn) oraz genetycznie odpornych na stres (NN). Lepsza mięsność tuczników o genotypie nn w stosunku do tuczników o genotypie Nn i NN jest zgodna z wynikami badań innych autorów [3]. Oprócz czynników genetycznych duży wpływ na mięsność ma płęć. Loszki wykazują zwykle procentową zawartość mięsa w tuszy o około 2–3% większą od wieprzków [1]. W badanym materiale u tuczników o genotypie TT przeważały loszki, a u tuczników o genotypie NN wieprzki, co mogło wpłynąć na kształtowanie się mięsności w poszczególnych grupach genetycznych. Tuczniaki o genotypie AA względem MYF4 nie różniły się istotnie pod względem mięsności tusz od tuczników o genotypie AB. W badaniach Cieślak i wsp. [2] również nie stwierdzono by genotypy z rodziny MyoD (MYF3 i MYF5) wpłynęły istotnie na mięsność tuszy.

W niniejszych badaniach osobniki o genotypie TT o najwyższej mięsności tusz cechowały się najgorszą jakością mięsa (tab. 1). Mięso tych tuczników charakteryzowało się najniższymi wartościami pH_1 , Q_{11} , najniższą zawartością białka rozpuszczalnego w wodzie, najwyższą jasnością barwy i pH_{24} w stosunku do mięsa tuczników o genotypie heterozygotycznym (CT) i homozygot dominujących (CC). Ponadto u tuczników o genotypie nn odnotowano najczęściej tusz z mięsem PSE (tab. 3). Uzyskane rezultaty badań potwierdzają negatywne oddziaływanie homozygot recesywnych (TT) na jakość mięsa [12]. Ta negatywna relacja między mięsnością tuszy a cechami jakości mięsa rośnie wraz ze wzrostem udziału tuczników z genotypem nn. W przypadku tuczników o genotypie heterozygotycznym (CT) stwierdzono najczęściej tusz z mięsem normalnym, następnie z mięsem częściowo PSE, a najmniej z mięsem PSE, co potwierdza wcześniejsze wyniki badań [7]. Ponadto tuczniaki o genotypie heterozygotycznym (CT) pod względem cech charakteryzujących jakość mięsa, takich jak: pH_1 , pH_{24} , jasność barwy są bliższe homozygotom dominującym (CC). Natomiast pod względem innych cech jakości, a mianowicie: dominującej długości fali, wodochłonności i wycieku termicznego mięsa heterozygoty (CT) bliższe są homozygotom recesywnym (TT). Uzyskane rezultaty potwierdzają badania tych autorów, którzy nie odnotowali różnic w jakości mięsa między tuczniakami o genotypie CT i TT [15]. Na podstawie wartości wskaźnika Q_{11} i zawartości białka rozpuszczalnego w wodzie osobniki o genotypie heterozygotycznym (CT) charakteryzowały się lepszą jakością mięsa od homozygot recesywnych (TT), jednak gorszą od homozygot dominujących (CC).

Tuczniaki o genotypie AB względem MYF4 cechowały się lepszą jakością mięsa od tuczników o genotypie AA pod względem takich cech, jak: zawartość białka rozpuszczalnego w wodzie i dominująca długość fali. Ponadto odnotowano wyższy udział mięsa wadliwego typu PSE u tuczników o genotypie AA względem MYF4, natomiast z mięsem normalnym i częściowo PSE nieznacznie więcej stwierdzono u osobników

Tabela 1

Wartości średnie (\bar{x}) i odchylenia standardowe (s) mięsności i cech jakości mięsa w zależności od genotypu RYR1 i MYF4.
Mean values (\bar{x}) and standard deviations (s) of meatiness and meat quality according to RYR1 AND MYF4 genotype.

Cechy Traits		Genotyp RYR1 RYR1 genotype			Genotyp MYF4 MYF4 genotype		Współdziałanie Interaction RYR1 x MYF4
		TT n = 8 (♀ = 6; ♂ = 2)	CT n = 79 (♀ = 39; ♂ = 40)	CC n = 32 (♀ = 14; ♂ = 18)	AA n = 100 (♀ = 51; ♂ = 49)	AB n = 19 (♀ = 9; ♂ = 10)	
Zawartość mięsa w tuszy [%] Meat fraction of the carcass [%]	\bar{x}	56,84 ^A	53,45 ^B	53,21 ^B	53,70	52,86	-
	s	2,50	3,19	2,58	3,17	2,85	
pH ₁	\bar{x}	5,75 ^A	6,21 ^B	6,36 ^B	6,20	6,28	-
	s	0,38	0,32	0,24	0,34	0,34	
pH ₂₄	\bar{x}	5,53 ^A	5,42 ^B	5,42 ^B	5,43	5,40	-
	s	0,15	0,08	0,08	0,09	0,09	
Q ₁₁	\bar{x}	2,09 ^A	2,62 ^B	2,97 ^C	2,66	2,72	-
	s	0,63	0,46	0,46	0,53	0,48	
Jasność barwy [%] Colour Brightness [%]	\bar{x}	30,07 ^A	26,59 ^B	25,07 ^B	26,65	25,46	-
	s	5,95	3,42	3,31	3,69	4,16	
Dominująca długość fali [nm] Dominant wavelength [nm]	\bar{x}	586,17 ^a	586,38 ^a	587,18 ^b	586,45 ^a	587,22 ^b	-
	s	2,53	1,43	1,72	1,54	1,95	
Wyciek termiczny [%] Thermal drip loss [%]	\bar{x}	30,03 ^a	30,17 ^a	28,58 ^b	29,87	29,19	-
	s	1,69	2,66	2,81	2,72	2,99	
WHC, [%] wody związanej WHC, [%] of bound water	\bar{x}	69,14 ^A	71,72 ^A	76,55 ^B	72,73	73,17	-
	s	3,31	5,38	5,17	5,77	5,16	
białko rozpuszczalne w wodzie, [%] w mięsie Water-soluble protein, Its per cent fraction of meat	\bar{x}	8,08 ^A	9,09 ^B	9,76 ^C	9,11 ^a	9,60 ^b	*
	s	0,95	0,98	0,98	1,09	0,95	

A, B, C – wartości średnie w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,01$); mean values appearing in the rows and denoted by different letters show statistically significant differences at $P \leq 0,01$

a, b, c – wartości średnie w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$), * – istotne na poziomie $P \leq 0,05$

a, b, c – mean values appearing in the rows and denoted by different letters show statistically significant differences at $P \leq 0,05$

o genotypie AB względem MYF4 (tab. 3). Otrzymane wyniki pozwalają przypuszczać, że genotyp AA względem MYF4 może przyczyniać się do pogarszania jakości mięsa. Jednak brak w analizowanym materiale homozygot BB nie pozwala w pełni określić wpływu genotypu MYF4 na jakość mięsa. W badaniach Kapelańskiego i wsp. [4] stwierdzono, że mięso tuczników o genotypie BB względem MYF4 cechuje się wyższym pH₁ i bardziej pożądaną barwą niż mięso świń o genotypie AB.

Tabela 2

Współdziałanie genotypów RYR1 x MYF4.

Interaction of the RYR1 x MYF4 genotypes.

Cecha Traits	Genotyp MYF4 MYF4 genotype	Genotyp RYR1 / RYR1 genotype					
		TT		CT		CC	
		\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
Białko rozpuszczalne w wodzie, [%] w mięsie	AA	8,08 ^a	0,95	9,00 ^b	0,98	9,85 ^b	0,98
	AB	-	-	9,66 ^b	0,92	9,52 ^b	0,04
Water-soluble protein, Its per cent fraction of the meat	\bar{x}	8,08	0,95	9,10	0,99	9,76	0,99

a, b – wartości średnie w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$) / mean values appearing in the rows and denoted by different letters show statistically significant differences at $P \leq 0,05$

Tabela 3

Częstość występowania mięsa normalnego i wadliwego w zależności od genotypu RYR1 i MYF4.

The occurrence frequency of normal and defective meat depending on the HAL and MYF4 genotype

Klasy jakości mięsa Meat quality classes		Genotyp RYR1 RYR1 genotype			Genotyp MYF4 MYF4 genotype	
		TT	CT	TT	AA	AB
PSE	n	6	7	1	31	5
	[%]	75	10	3,22	31	26,32
Częściowo PSE Partially PSE	n	0	12	1	58	9
	[%]	0	15	3,22	58	47,36
Normalne Normal	n	2	60	30	11	5
	[%]	25	75	93,55	11	26,32

Tylko w przypadku białka rozpuszczalnego w wodzie odnotowano współdziałanie genotypów RYR1 x MYF4 (tab. 2). U tuczników o genotypie TT x AA stwierdzono istotnie niższą zawartość białka rozpuszczalnego w wodzie niż u tuczników o genotypie CT x AA, CC x AA oraz CT x AB i CC x AB.

Wnioski

1. Tuczniaki o genotypie TT względem RYR1 charakteryzują się wyższą mięsnością tusz i częstością występowania mięsa wadliwego typu PSE w stosunku do tuczników o genotypie CC.
2. U tuczników o genotypie heterozygotycznym (CT) stwierdzono najwięcej tusz z mięsem normalnym przy niższym udziale tusz z mięsem częściowo PSE i PSE.
3. Tuczniaki o genotypie AA względem MYF4 cechowały się lepszą jakością mięsa w stosunku do tuczników o genotypie AB na podstawie zawartości białka rozpuszczalnego i dominującej długości fali.
4. W analizowanym materiale nie stwierdzono w odniesieniu do większości cech jakości mięsa oraz mięsności współdziałania genotypów RYR1 x MYF4.

Literatura

- [1] Blicharski T.: Ocena efektywności stosowania odmiennych dla płci równań regresji szacujących procentową zawartość mięsa w tuszach świń. Trzoda Chlewna, 2001, 7, 46-48.
- [2] Cieślak D., Kurył J., Kapelański W., Pierzchała M., Grajewska S., Bocian M.: A relationship between genotypes at MYOG, MYF3 and MYF5 and carcass meat and fat deposition traits in pigs. Anim. Sci. Pap. Rep., 2002, 20 (2), 77-92.
- [3] Fisher P., Mellett F.D., Hoffman L.C.: Halothane genotype and pork quality. 1. Carcass and meat quality characteristics of three halothane genotypes. Meat Sci., 2000, 54, 97-105.
- [4] Kapelański W., Grajewska S., Kurył J., Cieślak D., Bocian M., Hammermeister A.: Relation between meat quality traits and polymorphism of MYF3 and MYF4 genes in crossbred pigs. IVth International Scientific Conference. Effect of genetic and non-genetic factors on carcass and meat quality of pigs. 24-25. 04. 2003, Siedlce, p. 16.
- [5] Kłosowska D., Kurył J., Cieślak D., Elminowska-Wenda G., Walasiak K., Kapelański W., 2001. The relationship between polymorphisms in porcine MYOG, Myf-3 and Myf-5 genes and microstructure profiles of Longissimus muscle – a preliminary study. 47th international Congress of Meat Science and Technology, Kraków 26-31.08.2001, pp. 142-143.
- [6] Koćwin-Podsiadła M., Kurył J.: The effect of interaction between genotypes at loci CAST, RYR1 and RN on pig carcass quality and pork traits – a review. Anim. Sci. Pap. Rep., 2003, 21(1) Suppl., 61-75.
- [7] Koćwin-Podsiadła M., Kurył J., Przybylski W., Kaczorek S., Rozenek-Przybylska A.: Efekt genu Halⁿ w zakresie użyteczności rzeźnej i jakości mięsa tuczników linii pbz-23. Zesz. Nauk. Przegł. Hod. PTZ. Warsz., 1993, 9, 211-216.
- [8] Kortz J.: Próba wyznaczenia syntetycznego wskaźnika jakości mięsa wieprzowego, jako kryterium różnicowania mięśni normalnych, PSE i DFD (na przykładzie mięsa knurek i wieprzków). Rozprawy nr 100. Wyd. AR Szczecin 1986.
- [9] Kurył J.: Perspektywy wykorzystania genetyki molekularnej w doskonaleniu jakości tuszy i mięsa świń. Międz. Konf. Nauk „Zastosowanie osiągnięć naukowych z zakresu genetyki, rozrodu i żywienia w nowoczesnej produkcji świń”. Wyd. ATR Bydgoszcz 2002, s. 19-25.
- [10] Kurył J., Kapelański W., Cieślak D., Pierzchała M., Grajewska S., Bocian M., 2002. Are polymorphisms in non-coding regions of porcine *MyoD* genes suitable for predicting meat and fat deposition in the carcass? Anim. Sci. Pap. Rep., 2002, 20 (4), 245-254.

- [11] Normy Żywienia Świń. Wyd. Instytutu Fizjologii i Żywienia Zwierząt PAN, Omnitech Press, Warszawa 1993.
- [12] Oliver M.A., Gispert M., Diestre A.: The effects of breed and halothane sensitivity on pig meat quality. *Meat Sci.*, 1993, **35** (1), 105-118.
- [13] Różycki M.: Zasady postępowania przy ocenie świń w Stacjach Kontroli Użytkowości Rzeźnej Trzody Chlewnej. W: Stan hodowli i wyniki oceny świń. Instytut Zootechniki, Kraków 1996, s. 69-82.
- [14] Soumilion A., Erkens J.H.F. Lenstra J.A., Rettenberger G., Te Pas M.F.W.: Genetic variation in the porcine myogenin gene locus. *Mamm. Genome*, 1997, **8**, 564-568.
- [15] Zhang W., Kuhlers D.L., Rempel W.E.: Halothane gene and swine performance. *J. Anim. Sci.*, 1992, **70** (5), 1307-1313.

THE EFFECT OF RYR1 AND MYF4 GENE POLYMORPHISM ON THE LEANNESS AND MEAT QUALITY IN CROSSBRED PORKERS

Summary

The investigations were carried out on 120 porkers and included the determination of RYR1 and MYF4 genotypes. The carcasses, dissected according to the Polish Station for Swine Slaughter Performance Inspection (SKURTCh), were evaluated for their meat quality and the occurrence frequency of normal and defective meat. The porkers of a RYR1 genotype TT had higher carcass meatiness and more frequently occurring PSE meat if compared to those of a CC genotype. Heterozygous porkers (CT) showed the highest rate of carcasses with normal meat and a lower rate of carcasses with partially PSE and PSE meat. The MYF4 AA porkers had a better meat quality than those of the AB genotype, as estimated basing on the soluble protein content and dominant wavelength. No RYR1 x MYF4 interactions were found in relation to the majority of meat quality properties and to meatiness in the material analysed.

Key words: pigs, genotype, meatiness, meat quality. 