

nia się wydajności mleka, głównie w stadach wysokomlecznych, ulega systematycznemu skracaniu. Zakres krzyżowania towarowego zależy również od popytu na jałówki hodowlane do remontu lub powiększania stad mlecznych, co w sposób bezpośredni wiąże się z ich ceną. Dotyczy to głównie stad mlecznych, w których utrzymywane są krowy wysoko wydajne. W stadach tych od wielu lat prowadzone jest intensywne doskonalenie pogłowia, a hodowcy inwestowali w zakup najlepszego materiału hodowlanego ze światowych zasobów genetycznych. Zakres tego krzyżowania będzie także zależał od cen proponowanych rolnikom za cielęta i opasy mieszańce i od ścisłego powiązania tych cen z jakością sprzedawanych zwierząt.

W krajowej literaturze zootechnicznej coraz częściej podejmowany jest temat skracającego się czasu użytkowania krów w stadach mlecznych. Krótszy czas użytkowania krów ogranicza rozmiary możliwego krzyżowania towarowego.

Biorąc pod uwagę przedstawione wartości oraz tendencje w hodowli bydła w Polsce, zwiększenie obecnego zakresu krzyżowania towarowego (około 20% pogłowia krów), będzie trudne do realizacji, gdyż:

- skraca się czas użytkowania krów, powodując większe zapotrzebowanie na jałówki do remontu stada;
- zmniejsza się liczba małych, najczęściej ekstensywnych stad bydła, które są największym zapleczem do krzyżowania towarowego.

Te przesłanki wskazują, że utrzymanie aktualnego zakresu

krzyżowania towarowego będzie dużym osiągnięciem. Na rysunku 2 przedstawiono schemat zalecanego krzyżowania w stadzie bydła mlecznego. Jego realizacja, bez ponoszenia dodatkowych kosztów finansowych i nakładów pracy, pozwala na zwiększenie produkcji i poprawę jakości wołowiny.

Literatura: 1. Chów bydła mięsnego (praca zbior. pod red. H. Grodzkiego). Wielkopolskie Wyd. Rolnicze, Poznań, 2009. 2. **Filistowicz A., Wierzbiński H., Rehout V., Majchrzak K., Hajduk K.**, 2006 - Acta fytotechnica et zootechnica – mimoriadne číslo, nr 1, 123-125. 3. **Gregory K.E., Cundiff L.V., Koch R.M., Lunstra D.D.**, 1993 – Beef Research, Progress Report 4, 7-19. 4. **Grodzki H., Orłowska O., Przysucha T., Słószarz J.**, 2006 – Animal Science Papers & Reports, vol. 24, Suppl. 2, 93-98. 5. **Grodzki H., Przysucha T.**, 2008 – Prace i Materiały Zootechniczne 65, 7-15. 6. **Jasiorowski H.A., Grodzki H., Grabowski R., Przysucha T.**, 1996 – Ocena przydatności włoskich ras bydła mięsnego do krzyżowania towarowego z polskimi krowami fryzyjskimi. W: „Wpływ krzyżowania towarowego krów czarno-białych na użytkowość mięsną mieszańców opasanych intensywnie”, Fundacja Rozwój SGGW. 7. **Kaczmarek A., Rosochowicz Ł.**, 1978 – Biuletyn Informacyjny Instytutu Zootechniki 3-4, 39-55. 8. **Litwińczuk Z., Zalewski W.**, 1991 Roczniki Naukowe Zootechniki, Monografie i Rozprawy 29, 49-56. 9. **Nogalski Z.**, 2004 – Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego 74, 165-173. 10. **Pogorzelska J.**, 1999 – Kształtowanie się cech użytkowości mięsnej buhajków pochodzących z krzyżowania krów rasy czarno-białej z buhajami ras mięsnych przy różnej intensywności żywienia. Rozprawa habilitacyjna. Wyd. ART Olsztyn. 11. **Przysucha T.**, 2009 – Osobnicze uwarunkowania przebiegu ocieleń krów oraz umięśnienia i żywotności cieląt pochodzących po buhajach rasy piemontese użytkowanych w Polsce i we Włoszech. Rozprawa habilitacyjna. Wyd. SGGW. 12. **Romer J., Głowacińska M., Konopka S., Osieglowski S.**, 1978 – Biuletyn Informacyjny Instytutu Zootechniki 3-4, 3-20. 13. **Robinson O.W., Mc Daniel B.T., Rincon E.J.**, 1981 – Journal of Animal Science 52, 44-50.

Wykorzystanie badań z zakresu genetyki molekularnej w produkcji mięsa wieprzowego

Agnieszka Korwin-Kossakowska

Instytut Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu

W ostatniej dekadzie nastąpił olbrzymi postęp w zrozumieniu procesów zachodzących w organizmach zwierzęcych na poziomie molekularnym. Do wyjaśnienia podstaw tych zjawisk przyczynił się ogromny rozwój biologii molekularnej. Dziedzi- na ta dostarczyła nowych, nieznanych dotąd narzędzi, dzięki którym możliwe stało się poznanie wielu, fundamentalnych dla życia procesów na ich podstawowym poziomie. Jednak

szczególnie cennym materiałem badawczym okazał się być DNA, a szczególnie jego wysoka zmienność, czyli polimorfizm DNA. Z drugiej strony, niska rentowność produkcji zwierzęcej, w tym również produkcji wieprzowiny, sprzyja rozwojowi nauk pozwalających szybciej, a przede wszystkim taniej i precyzyjniej oszacować wartość posiadanych zwierząt i przeprowadzić selekcję. Praktycznym tego przejawem jest właśnie wykorzystanie wiedzy o organizacji i polimorfizmie genomu. Poznano wiele mutacji bezpośrednio wpływających na fenotyp, a z drugiej strony – tysiące anonimowych markerów genetycznych, które z uwagi na swoje potencjalne sprzężenie z nieznanymi mutacjami o dużym efekcie działania, mogą być wykorzystywane do szacowania wartości hodowlanej i prowadzenia selekcji opartej na markerach genetycznych.

Genetyczna baza danych świń zawiera obecnie zidentyfikowanych ponad 3000 genów i 1 400 000 markerów zmapowanych w genomie świni nowoczesnymi metodami genetyki molekularnej [3]. Niektóre z tych genów kodują białka istotne w kształtowaniu cech użytkowych, jednak większość z nich to nie są geny funkcjonalne i są traktowane jedynie jako mar-

kery specyficznych cech, które są sprzężone z genami mającymi wpływ na cechy ilościowe.

W ostatnich latach wysiłki genetyków zajmujących się problemami mięsności i jakości mięsa wieprzowego skupiły się na badaniach prowadzących do takiego podniesienia poziomu tych cech, aby zaspokoić potrzeby wymagającego konsumenta, dla którego istotna jest nie tylko smakowitość, ale również odżywcza i prozdrowotna wartość żywności. Jakość mięsa jest pojęciem złożonym i trudnym do zmierzenia. Jest to kompleks wielu cech i uwarunkowań istotnych na kilku etapach: producenta, przemysłu przetwórczego i w końcu – konsumenta. Miernikami tych cech są zazwyczaj: zawartość tłuszczu, również śródmięśniowego, marmurkowatość, powierzchnia oka polędwicy, wodochłonność, pH, potencjał glikolityczny, barwa, kruchość, soczystość, smakowitość itd. Na jakość mięsa wpływa zazwyczaj wiele czynników, włączając w to charakterystykę mięśni (wielkość i typ włókien mięśniowych, tłuszcz i inne tkanki przylegające), warunki produkcji i środowiska (tempo wzrostu, żywienie, warunki przedubojowe i dojrzewanie poubojowe), i wreszcie genetyka zwierzęcia (rasa, genotyp). Wpływy genetyczne odgrywają kluczową rolę w „projektowaniu” składu tuszy i jej jakości, natomiast odziedziczalność tej grupy cech jest bardzo niska. Stąd trudności z ich doskonaleniem na drodze konwencjonalnej selekcji i poszukiwanie nowoczesnych metod opartych na markerach molekularnych [3].

Loci cech ilościowych (QTL)

Dzięki świńskim mapom markerowym, które pojawiły się w połowie lat dziewięćdziesiątych poprzedniego stulecia i następujących po nich mapach o wysokiej gęstości, udało się zidentyfikować szereg regionów chromosomów, tzw. QTL (quantitative trait loci), odpowiedzialnych za ujawnianie się cech związanych z mięsnością. Począwszy od pierwszych doniesień na ten temat, dotyczących *locus* chromosomu 4 odpowiedzialnego za odkładanie się tłuszczu u świń [1], przez kolejnych 15 lat w około 100 opublikowanych doniesieniach opisanych zostało ponad 1500 różnych QTL zidentyfikowanych w genomie świni. QTLs z istotnym wpływem na jakość mięsa zostały zlokalizowane na prawie wszystkich chromosomach świni, z czego dziewięć wyróżnić można jako najważniejsze: SSC2, SSC4, SSC5, SSC6, SSC7, SSC11, SSC14, SSC15 i SSC17 [3]. Należy zauważyć, że niewielka liczba opisanych QTLs była dalej badana pod kątem poszukiwania w tych regionach mutacji przyczynowych. Można jedynie wymienić zidentyfikowanie tą metodą mutacji w genie *IGF2*, mającej związek z mięsnością oraz w genie *PRKAG3* – związanej z jakością mięsa, a zlokalizowaną na chromosomie 15. Jeszcze inny QTL na chromosomie 2, mający wpływ na kruchość mięsa, jest prawdopodobnie związany z mutacją w genie *CAST* [2, 7].

Podsumowując należy stwierdzić, że mapowanie QTL jako narzędzie wykorzystywane do poszukiwania genów od-

powiedzialnych za ujawnianie się kompleksu cech, do których należy jakość wieprzowiny, nie okazało się tak wielkim sukcesem jak sądzono. Istnieje cały szereg przyczyn takiego stanu rzeczy. Na przykład wiele z eksperymentów związanych z poszukiwaniem QTL było przeprowadzanych na kojarzeniach doświadczalnych, np. z użyciem dzika czy rasy meishan. Nie zawsze udawało się uzyskać wyniki zastosować bezpośrednio na populacjach komercyjnych. Innym minusem tego rodzaju badań jest wciąż jeszcze zbyt mała rozdzielczość map genetycznych wykorzystywanych w przeprowadzanych eksperymentach. Nawet jeśli średni dystans pomiędzy markerami w takiej mapie wynosi około 2-3 cM (centimorgan), wciąż istnieją jeszcze pewne przestrzenie nie poznane i nie opisane. Mimo wszystko jednak w ciągu tych lat poszukiwań nastąpił duży postęp w poznaniu zasobów genomowych, tworzeniu zwierzęcych baz danych, rozwinęły się różnorodne techniki i narzędzia statystyczne. Wiedza ta może być dalej wykorzystywana w kolejnych etapach badań.

Geny kandydujące

Na podstawie znajomości procesów fizjologicznych i przemian metabolicznych kształtujących daną cechę możliwe jest wytypowanie genów, których produkty potencjalnie uczestniczą w tych przemianach, czyli tzw. genów kandydujących. Ocena wpływu polimorfizmu tych genów na fenotypową wartość cechy ilościowej jest obecnie drugą stosowaną metodą identyfikacji *loci* cech ilościowych. W ostatnich latach w wielu ośrodkach naukowo-badawczych całego świata, w tym także w polskich laboratoriach, nastąpiło nasilenie badań genów kandydujących dla cech jakości tuszy. Są to w większości geny związane ze wzrostem i różnicowaniem tkanki mięśniowej oraz kontrolujące przemiany biochemiczne w mięśniach. Geny kodujące enzymy szlaków proteolitycznych mięśni, np. *RYR1*, *PRKAG3*, *CAST*, *PKM2*, *GLUT4*, *MYOG* wydają się obiecującymi markerami jakości wieprzowiny. Dla cech odtuszczenia tuszy ważnymi markerami są geny: leptyny (*LEP*) – białka odgrywającego rolę w regulacji gospodarki energetycznej organizmu i jej receptora *LEPR*, a także gen melanokortyny (*MC4R*) – hormonu zaangażowanego w regulację pobierania pokarmu (paszy), gen białka związanego z gospodarką lipidową *CART* (cocaine and amphetamine regulated transcript) oraz rodzina genów białek wiążących kwasy tłuszczowe (*FABP*) [10].

Również w Zakładzie Immunogenetyki IGiHZ PAN w Jastrzębcu podejmowane są działania w zakresie tych badań. Jedną z wybranych grup analizowanych genów są protoonkogeny. U organizmów eukariotycznych zidentyfikowano do tychczas około 100 takich genów. Kodują one białka należące do fosfoprotein, oddziałują na procesy proliferacji, różnicowania się i apoptozy, biorą udział w procesach miogenezy, a jako czynniki transkrypcyjne wchodzi w interakcje z białkami rodziny *MyoD*. Dlatego też niektórzy badacze sugerują ich wpływ na cechy jakości tuszy. Do badań wybrano trzy

geny z tej grupy: *c-SKI*, *c-FOS* i *c-myc*. Inną badaną grupą są geny enzymów proteolitycznych – kalpaina (*CAPN3*) i katepsyna B (*CTSB*) wraz ze swoimi inhibitorami, odpowiednio: kalpastatyna (*CAST*) i cystatyna B (*CSTB*). U świń znany jest fakt wpływu stopnia degradacji białek mięśniowych na kruchość mięsa. W procesie tym biorą udział enzymy proteolityczne znajdujące się w komórkach mięśniowych [4]. Jednym z takich enzymów proteolitycznych jest kalpaina, której aktywność jest regulowana poziomem jonów Ca^{2+} . Specyficznym inhibitorem kalpainy jest kalpastatyna. System proteolityczny kalpaina–kalpastatyna jest zaangażowany we wzrost i rozwój mięśni szkieletowych w okresie postnatalnym, w procesy degradacji białek mięśniowych i dojrzewanie mięsa po uboju [8]. Drugi z interesujących nas systemów proteolitycznych kodowany przez geny, których polimorfizm może również oddziaływać na cechy tuszy, to system katepsyna B–cystatyna B. Katepsyna B jest lizosomalną proteazą serynową, uwalnianą do sarkoplazmy przy odpowiednim spadku pH w mięśni. Inną interesującą grupą genów, odnośnie do których istniały przesłanki, że mogą mieć wpływ na cechy otluszczenia tuszy, między innymi ze względu na swoje położenie w chromosomie 4, są *DGAT1* (diacylgliceroylotransferaza 1), *AMPD1*, którego produkt katalizuje przemianę AMP w IMP w mięśniach szkieletowych i *AGL* (enzym będący produktem tego genu jest niezbędny w przemianach glikogenu i posiada aktywność 4- α -glukotransferazy i 1,6-amylo-glukozydazy) [9].

Wszystkie wymienione geny i występujące w nich mutacje testowane są na wielu populacjach, rasach, stadach. W ośrodkach naukowych różnych krajów prowadzone są intensywne badania, których celem jest potwierdzenie związku wymienionych genów lub zidentyfikowanych polimorfizmów z cechami użytkowymi. Wymienione geny i ich polimorfizmy należy traktować jako przykłady genów najczęściej badanych lub zasługujących na bardziej szczegółową analizę. Jednak do tej pory nie udało się znaleźć genu, który miałby uniwersalne oddziaływanie na cechy mięsności tuszy we wszystkich rasach, jak to ma miejsce dla allelu *RYS1*. Również kompanie hodowlane, kładące obecnie większy nacisk na jakość mięsa i włączające tę cechę jako integralną część programów selekcyjnych, aby uzyskać jednoczesny wzrost cech zarówno jakości, jak i ilości wieprzowiny, wykorzystują niektóre z wymienionych powyżej markerów oraz genów do selekcji [3].

Analizy mikromacierzowe

Obecnie kompleksową metodą badania genomu zwierzęcia jest technologia mikromacierzy DNA (chip DNA, DNA microarray). Najpopularniejsze są dwa ich rodzaje: mikromacierze do badania ekspresji genów oraz mikromacierze do badania sekwencji genów (genotypowania). Te ostatnie, czyli mikromacierze SNP (single nucleotide polymorphism – jednonukleotydowe polimorfizmy) pozwalają na jednoczesną analizę tysięcy polimorfizmów SNP rozmieszczonych w genomie u

jednego zwierzęcia. Technologia ta, oparta na komercyjnie dostępnych zestawach markerów typu SNP, szybko została zauważona jako narzędzie do szacowania wartości hodowlanej za pośrednictwem markerów rozproszonych w całym genomie. Podejście takie, jeśli okaże się wystarczająco wiarygodne, może zrewolucjonizować procedurę oceny, która tradycyjnie jest prowadzona na podstawie informacji o użytkowości danego osobnika lub potomstwa. Już w obecnej chwili, w praktyce technika mikromacierzy jest stosowana do oceny wartości hodowlanej bydła. W odniesieniu do genomu świni, w Stanach Zjednoczonych jest w tej chwili opracowana mikromacierz SNP zawierająca 60 000 markerów genetycznych. Było to możliwe dzięki sukcesowi poznania sekwencji genomu świni (Pig Genome Project), który to projekt zakończono jesienią 2009 roku [6]. W Polsce natomiast, korzystając z bazy jednonukleotydowych polimorfizmów SNP dla świń, prof. Stanisław Kamiński z Katedry Genetyki Zwierząt Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie wraz ze współpracownikami, również skonstruowali mikromacierz SNP dla tego gatunku. W odniesieniu do świń optymalizacja i walidacja mikromacierzy – pod nazwą SNIpork, otworzyła możliwość badań asocjacyjnych zmierzających do określenia wpływu wybranych SNP na cechy użytkowości tucznej i rzeźnej, a także cechy jakości mięsa wieprzowego. Materiał do badań stanowiło 306 knurów ras wbp i pbz, o znanym pochodzeniu od strony ojcowskiej. Średni poziom cech, takich jak przyrosty dobowe, mięsność, indeks selekcyjny był bardzo wysoki. Stwierdzono, że 10 spośród 62 układów polimorficznych SNP nie może być uwzględnionych (niski wskaźnik frekwencji), dla pozostałych 52 szacowano efekty addytywne SNP, stosując unikalny model regresji liniowej uwzględniający efekty stałe, tj. rok, miesiąc urodzenia, rasę oraz genotyp RYR1 knura. Wiele z tych SNP wykazywało istotny związek z co najmniej jedną cechą, natomiast aż 14 SNP z trzema analizowanymi cechami, tj. przyrostami dobowymi, mięsnością i indeksem selekcyjnym [5].

Technikę mikromacierzy stosuje się również do badania ekspresji, czyli ujawniania działania genów w organizmie. Technologia ta umożliwia poznanie funkcji biologicznych wielu powiązanych ze sobą genów, białek oraz szlaków metabolicznych, co pozwala na bardziej globalne badania aktywności komórkowej. Na podstawie analizy wyników tych badań możliwe jest wyselekcjonowanie konkretnych genów, których funkcja w organizmie związana jest z kształtowaniem się interesującej nas cechy użytkowej, np. mięsności czy jakości mięsa. Zróżnicowany poziom tych cech może być wynikiem różnic w procesach związanych z metabolizmem w tkance mięśniowej, a te są efektem zmian na poziomie ekspresji wielu genów.

Obecnie w ramach 6. Europejskiego Programu Ramowego realizowany jest duży projekt o akronimie Q-Porkchains

pt. „Improving the quality of pork and pork products for the consumer: Development of innovative, integrated, and sustainable food production chains of high quality pork products matching consumer demands”. Cel projektu jest bardzo szeroki i obejmuje całokształt zjawisk związanych z produkcją wysokiej jakości wieprzowiny i produktów wieprzowych, począwszy od badania rynku, poprzez organizację hodowli i produkcji, według podejścia *from-fork-to-farm*, a także poznanie procesów genetycznej ekspresji oraz biochemicznych przemian związanych z warunkowaniem cech wysokiej jakości mięsa. W projekcie uczestniczą 53 wiodące zespoły badawcze, a także firmy komercyjne z całego świata. W projekcie tym uczestniczy również zespół z Polski, z Instytutu Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu. Celem zespołu polskiego jest skupienie się na transkryptomice i proteomice mięśni świni rasy puławskiej, charakteryzującej się wysoką jakością mięsa oraz powiązanie wyników molekularnych z cechami jakości mięsa materiału badawczego. Zadaniem dla zespołu z Polski jest wyodrębnienie genów markerów zawartości tłuszczu śródmięśniowego imf (intramuscular fat) w mięśniu najdłuższym grzbietu LD (*longissimus dorsi*) świń rasy puławskiej oraz określenie biologicznych systemów odpowiedzialnych za zróżnicowanie tej cechy. Analiza mikromacierzowa wykonana została na bazie RNA wyizolowanego z mięśnia LD. Z materiału obejmującego około 75 świń, wybrane zostały dwie grupy po osiem sztuk, o ekstremalnej zawartości w mięsie tłuszczu śródmięśniowego. Średnia zawartość tłuszczu w grupie „niskiej” (niższa wartość imf) wynosiła 1,02%, natomiast w grupie „wysokiej” (wyższa wartość imf) – 3,38%. Cztery próby z niskim imf i cztery z wysokim zakwalifikowane zostały do analizy transkryptomicznej, w której użyto specyficznych dla tkanki mięśniowej mikromacierzy 15K firmy Agilent. Uzyskane dane zostały znormalizowane w programie R. Wykazano ogólną liczbę 78 badanych prób o zróżnicowanej ekspresji, przy poziomie istotności $P \leq 0,01$. Czterdzieści sześć genów wydaje się być przypisanych (posiada prawidłową anotację) i scharakteryzowanych: 30 genów *upregulated* (o podwyższonym poziomie ekspresji) w grupie „niskiej” i 16 w grupie „wysokiej”. Na podstawie Power T test różnice w ekspresji podstawowych genów pomiędzy grupami były istotne na poziomie $P \leq 0,05$, jeżeli wartość FC (fold change) była wyższa niż 2,35. Następnie dane te zostały poddane analizie bioinformatycznej i data mining, i tak na tej podstawie stwierdzono, że 14 z tych genów to geny mitochondrialne, 10 bierze udział w reakcji redox, 5 tworzy kompleks rybonukleoproteinowy, 4 mają związek z cyklem ubikwityny, 6 bierze udział w regulacji transkrypcji i 3 wydają się mieć związek z cyklem komórkowym. Jednakże większość z tych genów wykazywała zróżnicowaną ekspresję przy $FC < 2$. Tylko trzy geny miały

$FC > 2,35$; był to *MT-ATP6* (gen mitochondrialny) i *cytb* (gen cytochromu b), o podwyższonej ekspresji w grupie „wysokiej” oraz *MRP-S18-c* (gen białka rybosomalnego) w grupie „niskiej”. Analiza korelacji wykonana na znormalizowanych danych mikromacierzowych potwierdza istotny związek poziomu ekspresji wyżej wymienionych genów z zawartością tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu LD. Geny te zostaną potwierdzone (na tej samej grupie zwierząt) przy użyciu real-time PCR.

Podsumowanie

W ostatnim czasie istotną zmianą w badaniach genetycznych w zakresie cech związanych z jakością mięsa jest nie tylko połączenie genomiki strukturalnej (badanie sekwencji genów i ich polimorfizmów) i funkcjonalnej (działania genów w organizmie), ale również powiązanie tej wiedzy z innymi naukami: proteomiką (badanie białek), metabolomiką (badanie metabolitów obecnych w organizmie), epigenomiką (interferencja RNA, imprinting), a następnie z danymi fenotypowymi. Proces ten jest ułatwiony dzięki gwałtownemu rozwojowi bioinformatyki. Bioinformatyka to nauka interdyscyplinarna zajmująca się stosowaniem narzędzi matematycznych i informatycznych do rozwiązywania problemów nauk biologicznych, integrująca biologię molekularną, informatykę, matematykę, genetykę, teorię baz danych, biologię strukturalną, genomikę oraz biochemię. Bioinformatyka stanie się więc w najbliższej przyszłości rozstrzygającym narzędziem w procesie analizy danych uzyskanych z badań struktury i ekspresji genów.

Literatura: 1. Andersson L., Haley Ch.S., Ellegren H., Knott A.S., Johansson M., Andersson K., Andersson-Eklund L., Lilja-Edfors I., Fredholm M., Hansson I., Hakansson J., Lundström K., 1994 – Science 263, 1771-1774. 2. Ciobanu D.C., Lonergan S.M., Bastiaansen J., Woollard J., Malek M., Huff-Lonergan E.J., Plastow G., Rotschild M., 2002 – Evidence for new alleles in calpastatin gene associated with meat quality traits in pigs. 7th Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, p. 277. 3. Davoli R., Braglia S., 2008 – Briefings in Functional Genomics and Proteomics, vol. 6 no. 4, 313-321. 4. Ilian M.A., Morton J.D., Kent M.P., LeCoureur C.E., Hickford J., Cowley R., Bickerstaffe R., 2001 – Journal of Animal Science 52, 773-791. 5. Kamiński S., Brym P., Oleński K., 2009 – Wykorzystanie mikromacierzy SNP do genotypowania bydła i świń. W: „Genomika bydła i świń”. Wyd. UP w Poznaniu. 6. Korwin-Kossakowska A., 2010 – *infoPOLSUS* 10, 5-9. 7. Meyers S.N., Rodriguez-Zas S.L., Beever J.E., 2007 – BMC Genetics 8, 69. 8. Pospiech E., Szalata M., VanLaack R.L.J.M., Sośnicki A.A., Greaser M.L., 2001 – Tenderness and protein changes of pork in relation to pig genotype and post mortem glycolysis phenotype. 47th International Congress of Meat Science Technology, Kraków, 258-259. 9. Urbański P., 2010 – Polimorfizm wybranych genów kandydujących do statusu „genów głównych” dla cech jakości tuszy świń. Dane niepublikowane. 10. Zwierchowski L., 2009 – *Magazyn Polskiej Akademii Nauk* 4 (20).