

Jakość wieprzowiny i metody jej doskonalenia

Cz. II. Uwarunkowania genetyczne cech jakości mięsa

Maria Koćwin-Podsiadła, Elżbieta Krzęcio

Akademia Podlaska

Wzrost występowania mięsa o obniżonej jakości towarzyszy zwiększaniu zawartości chudego mięsa w tuszach świń. Główną przyczyną tego zjawiska jest stwierdzony genetyczny antagonizm między tymi cechami, nawet w populacjach świń wolnych od genu wrażliwości na stres ($RYR1^T$). Współczynniki korelacji genetycznych między cechami ilościowymi a jakościowymi mięsa przyjmują wartości średnio od $-0,4$ do $-0,1$, zależnie od korelowanych par cech, grupy genetycznej i mięsności analizowanych zwierząt (Hovenier i wsp., 1992; de Vries i wsp., 1993, 1994; Przybylski i wsp., 1994; Różycki, 1994; Sellier i Monin, 1994; Krzęcio i wsp., 2004; Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004). Według de Vries i wsp. (1994), w stadach świń wolnych od genu $RYR1^T$ (o średniej mięsności 53,9%), selekcja prowadzona na mięsność i tempo wzrostu nie ma ujemnego wpływu na takie cechy jakości mięsa, jak barwa i WHC. W analizowanym stadzie nie stwierdzono między badanymi cechami istotnych korelacji genetycznych. Stwierdzono natomiast możliwość ograniczenia do minimum częstości występowania objawów mięsa DFD w wyniku selekcji prowadzonej w kierunku zwiększenia wykorzystania paszy, bowiem odnotowano ścisły związek między wzrostem spożycia paszy a pociemnieniem barwy ($r_G = -0,58$), wzrostem WHC ($r_G = -0,32$) i wyciekami naturalnymi wody ($r_G = -0,42$).

Hovenier i wsp. (1992), na podstawie badań przeprowadzonych na dwóch grupach genetycznych świń wolnych od genu $RYR1^T$ i o wysokiej mięsności (duroc – 59,5%, dutch yorkshire – 61,0%), wskazują, że istnieje pewna możliwość polepszenia cech jakości mięsa pod warunkiem obniżenia nacisku na selekcję na zmniejszenie grubości słoniny i zwiększenie procentowej zawartości mięsa w tuszy.

Znacznie wyższe wartości współczynników korelacji ($r = -0,64$ między powierzchnią oka polędwicy a barwą mięsa oraz $r = -0,83$ między masą polędwicy a subiektywnym współczynnikiem jakości mięsa) uzyskuje się dla ras wybitnie mięsnych (pietrain i landrace belgijska) charakteryzujących się wysoką frekwencją genu $RYR1^T$ (Sellier i Monin, 1994).

Badania przeprowadzone przez Różyckiego i wsp. (1996) na licznych materiałach ras w.b.p. i p.b.z., dotyczące oszacowania współczynników korelacji fenotypowych, wskazują na brak powiązania między cechami umięśnienia i jakości mięsa. Jednak autorzy dla obu ras stwierdzają zależności genetyczne między jasnością barwy mięsa a cechami umięśnienia – r_G w granicach od 0,165 do 0,427. W omawianej pracy stwierdzono wysoką wartość korelacji genetycznych dla obu ras między wartością pH_{45} a przyrostem dziennym ($r_G = 0,994$

dla rasy w.b.p. i $r_G = 0,667$ dla rasy p.b.z.) oraz masą wyrębów podstawowych ($r_G = -0,236$ dla rasy w.b.p. oraz $r_G = -0,505$ dla rasy p.b.z.). Opracowana w badaniach własnych wartość współczynników korelacji fenotypowych między cechami jakości mięsa a mięsnością, dla grupy świń p.b.z. wolnej od genu $RYR1^T$, jest bardzo niska i statystycznie nieistotna. Współzależność barwy mięsa i masy mięsa w wyrębach podstawowych była również niska, ale statystycznie istotna ($r = 0,19$). Nieco wyższe wartości współczynników korelacji (0,14-0,35) uzyskano dla grupy świń, w której frekwencja genu $RYR1^T$ wynosiła 57% (Przybylski i wsp., 1994).

W badaniach własnych (Krzęcio i wsp., 2004), przeprowadzonych w późniejszym okresie na materiale mieszańców czterorasowych (nosicieli genu $RYR1^T$), stwierdzono istotną statystycznie zależność między mięsnością a stopniem zakwaszenia tkanki mięśnia *longissimus lumborum* ($r = -0,24$ dla pH_{45} ; $r = -0,25$ dla pH_{24}) i *semimembranosus* ($r = -0,26$ dla pH_{24}), jasnością barwy obydwu mięśni ($r = 0,29$ dla obydwu mięśni), wyciekami naturalnymi ($r = 0,41$ dla WN_{48} ; $r = 0,45$ dla WN_{96}) oraz zawartością glikogenu ($r = 0,20$). W grupie tuczników wolnych od genu $RYR1^T$ zależność taką potwierdzono jedynie dla jasności barwy mięśnia *l.l.*, przy czym była ona blisko trzykrotnie niższa ($r = 0,10$) niż w grupie nosicieli genu $RYR1^T$ (Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004).

Obecnie wiadomo, że większość cech jakości wieprzowiny związanych z jej przydatnością technologiczną jest uwarunkowana genetycznie. Wartość oszacowanych współczynników odziedziczalności zawiera się w przedziale od 0,01 do 0,86, wykazując dużą zmienność dla badanych cech zależnie od grupy genetycznej (Sellier i Monin, 1994) – tab. 1.

Tabela 1
Odziedziczalność wybranych cech jakości mięsa

Cecha	Odziedziczalność (h^2)		Źródło
	Średnia	zakres	
pH_1	0,16	0,04–0,41	5, 7, 8, 9, 10
pH_u	0,21	0,07–0,39	2, 7, 8, 9, 10
Barwa (L^* – CIE)	0,28	0,15–0,57	7, 8, 10
WHC	0,15	0,01–0,45	7, 8
Wyciek naturalny	0,16	0,01–0,31	7, 10
Straty w gotowaniu	0,16	0,00–0,51	7, 10
TY	0,27	0,09–0,40	7
Wydajność NAPOLE	0,45	0,26–0,78	7
Kruchość (Instron)	0,26	0,17–0,46	7, 10
Zawartość tłuszczu śródmięśniowego	0,35	0,30–0,65	1, 2, 5, 11
Potencjał glikolityczny (dla rasy hampshire)	0,88	0,86–0,90	4, 6
Potencjał glikolityczny (dla pozostałych ras i mieszańców bez udziału hampshire)	0,17	0,10–0,25	2, 3, 10

WHC – zdolność utrzymywania wody własnej; TY – wskaźnik wydajności technologicznej mięsa peklowanego w parzeniu

Źródło: 1 – Hermsch i wsp. (2000), 2 – Larzul i wsp. (1997), 3 – Larzul i wsp. (1995), 4 – Le Roy i wsp. (1994), 5 – Lo i wsp. (1992), 6 – Naveau (1994), 7 – Sellier (1998), 8 – Sellier i Monin (1994), 9 – Sonesson i wsp. (1998), 10 – de Vries i wsp. (1994), 11 – Wood (1990)

Charakterystyczne zachwianie równowagi genetycznej w zakresie frekwencji występowania genów i genotypów w populacjach świń o wysokim stopniu uszlachetnienia w kierunku mięsności jest wynikiem wieloletniej intensywnej selekcji na te cechy. Zwiększenie homozygotyczności w zakresie selekcionowanych cech, a w związku z tym ograniczenie puli genów, spowodowało ujawnienie się genów zmutowanych, ściśle związanych z tymi cechami. Z praktycznego punktu widzenia, prowadzona intensywna selekcja w obrębie populacji w zakresie cech mięsności, które – jak już wspomniano – są w antagonizmie genetycznym z cechami jakości mięsa, spowodowała wzrost częstości występowania genów warunkujących te cechy. Zwiększenie frekwencji tych genów ułatwiło ich wykrywalność.

Wśród poznanych dotychczas genów warunkujących cechy jakości mięsa wieprzowego znajdują się m.in.: RYR1, RN⁻, A-FABP, H-FABP, CAST, MYOG, TTN, MI. Według aktualnego stanu wiedzy największe znaczenie w doskonaleniu cech użytkowych świń mają geny: RYR1, RN⁻, CAST, H-FABP.

Gen RYR1 (gen receptora ryanodiny)

Locus tego autosomalnego genu – określanego wcześniej mianem genu halotanowego (HAL) – posiadającego dwa allele: C – dominujący, prawidłowy i T – recesywny, odpowiadający za wrażliwość na stres, został zlokalizowany na chromosomie 6 świni.

Gen ten, określanym mianem genu receptora alkaloidu roślinnego ryanodiny, koduje białko będące jedną z podjednostek struktury kanału wapniowego sarkoplazmatycznego retikulum mięśni szkieletowych (Fujii i wsp., 1991). Częstość występowania poszczególnych genotypów RYR1 w wybranych rasach europejskich świń przedstawiono w tabeli 2.

Tabela 2
Częstość występowania poszczególnych genotypów RYR1 w wybranych rasach i liniach świń

Wyszczególnienie	Genotyp RYR1			Autor
	CC	CT	TT	
Duroc kanadyjski	95,2	3,2	1,6	Houde i wsp., 1993
Landrace kanadyjska	71,3	27,3	1,4	Houde i wsp., 1993
Yorkshire kanadyjski	80,2	17,9	1,9	Houde i wsp., 1993
Hampshire kanadyjski	100,0	0,0	0,0	Houde i wsp., 1993
Pietrain	0,0	0,0	100,0	Fujii i wsp., 1991
Wielka biała polska	61,1	33,3	5,6	Żurkowski i wsp., 1995
Złotnicka pstra	66,6	33,3	0,0	Żurkowski i wsp., 1995
Stamboek	84,1	15,9	0,0	Kurył i wsp., 2003
PIC	58,9	41,1	0,0	Kurył i wsp., 2003
Polska biała zwistoucha	23,8	48,6	27,6	Koćwin-Podsiadła i wsp., 1995
Linia 890	0,0	69,09	30,81	Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004
(L x Y) x (D x P)	64,6	35,4	0,0	Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004
Landrace duńska	100,0	0,0	0,0	Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004
L x Y	100,0	0,0	0,0	Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004
(L x Y) x D	100,0	0,0	0,0	Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004
(w.b.p. x p.b.z.) x (H x P)	53,8	39,8	6,4	niepublikowane badania własne
(w.b.p. x p.b.z.) x (D x P)	44,2	44,2	11,6	niepublikowane badania własne

L – landrace duńska, Y – yorkshire, D – duroc, P – pietrain, H – hampshire

Gen RYR1 jest genem o charakterze plejotropowym, tzn. jednocześnie oddziałuje na kilka cech użytkowych, co potwierdziły wyniki szeregu badań. Udowodniono jego korzystny wpływ na rozwój tkanki mięśniowej i zawartość mięsa w tuszy, przy równoczesnym obniżonym jej otłuszczeniu (jest to tzw. gen mięsności), a także negatywne oddziaływanie na cechy jakości mięsa (powstawanie wady PSE) oraz jego przydatność technologiczną i konsumpcyjną (Koćwin-Podsiadła i wsp., 1993; Sellier i Monin, 1994; De Smet i wsp., 1995). Ponadto stwierdzono niekorzystny wpływ genu wrażliwości na stres na wyniki użytkowości rozplodowej (wskaźniki odchowu prosiąt, jakość nasienia oraz libido).

Należy podkreślić, że diagnozowanie genotypu świń w locus RYR1 (HAL), z wykorzystaniem metody PCR-RFLP, jest najbardziej rozpowszechnionym przykładem zastosowania osiągnięć biologii molekularnej w hodowli zwierząt (Nicholas, 1997). Ze względu na jednoczesne, różnorodne oddziaływanie genu wrażliwości na stres na najważniejsze cechy użytkowe świń, jego identyfikacja stała się jednym z podstawowych elementów uwzględnianych w programach hodowlanych, szczególnie jeśli tworzone programy przewidują wykorzystanie wysokomięsnych ras i linii świń obciążonych tym genem (pietrain, landrace).

Gen RN⁻ (gen wydajności technologicznej NAPOLE)

Drugim genem głównym oddziałującym niekorzystnie na jakość mięsa wieprzowego jest gen RN⁻ (Rendement Napole, od nazwisk: Naveau, Pommeret, Lechaux). Hipoteza jego istnienia i pochodzenia od świń rasy hampshire, ogłoszona w 1986 roku przez Naveau, została potwierdzona na podstawie wyników analizy segregacji przez Le Roy i wsp. (1990) oraz badaczy z ośrodków naukowych w Niemczech (Von Wassmuth i wsp., 1991), Szwecji (Enfält i wsp., 1994), Polsce (Przybylski i wsp., 1996) i USA (Miller i wsp., 2000).

Obecnie przyjmuje się obecność dwóch alleli nazwanych RN⁻ (dominującego i niekorzystnie wpływającego na jakość mięsa) i m⁺ (recesywnego, nie oddziałującego negatywnie na cechy jakości mięsa), dziedziczonych w klasyczny sposób mendelowski.

Lündström i wsp. (1994) oraz Le Roy i wsp. (1995) stwierdzili niewielki pożądaný efekt genu RN⁻ w zakresie tempa wzrostu i mięsności tuszy. W badaniach własnych (Koćwin-Podsiadła i wsp., 2000) stwierdzono istotnie krótszy (o 19,57 dni) czas trwania tuczu do masy ciała 100 kg u osobników będących nosicielami genu RN⁻ oraz bliski istotności związek genotypu RN ze średnią grubością słoniny z 5 pomiarów. W badaniach tych nie stwierdzono oddziaływania genotypu RN na mięsność i skład morfologiczny tuszy. Brak związku genotypu RN z cechami jakości tuszy i tempem wzrostu świń potwierdzono na materiale pochodzenia duńskiego (Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004).

Fenotypowy, niekorzystny dla cech jakości mięsa efekt allelu RN⁻ objawia się już za życia zwierzęcia wyższym o 40 do 70% poziomem glikogenu w białych mięśniach, takich jak *longissimus dorsi* i *semimembranosus*, niskim pH końcowym mięśnia (pH < 5,5 – tzw. mięso

kwaśne), mniejszą o ok. 1% zawartością białka w tkance mięśniowej, jaśniejszą jej barwą oraz obniżeniem wydajności technologicznej mięsa w procesie peklowania i gotowania o około 6 do 9,5% (Lündström i wsp., 1994; Przybylski i wsp., 1996). Ponadto, mięso pochodzące od świń nosicieli tego genu charakteryzuje się lepszym smakiem i aromatem oraz wymaga użycia mniejszej siły podczas cięcia w procesie plasterkowania (Lündström i wsp., 1994; Przybylski i wsp., 1996; Koćwin-Podsiadła, 1998; Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004). Cechy te przemawiają za wykorzystaniem mięsa kwaśnego do produkcji wędlin surowych. Dodatkowo w badaniach szwedzkich wykazano, że mięso pochodzące od nosicieli genu RN⁻, poddane obróbce termicznej (smażeniu), odznacza się niekorzystnym dla konsumenta stosunkiem związków będących prekursorami kancerogennych amin heterocyklicznych, powstających w procesie smażenia (Nilzen i wsp., 2000).

Milan i wsp. (2000) stwierdzili, że kluczową rolę w enzymatycznej regulacji syntezy glikogenu spełnia mutacja w genie PRKAG3. Mutacja ta została stwierdzona u świń rasy hampshire i mieszańców z jej udziałem. Milan i wsp. zidentyfikowali także (w 2000 roku) trzeci allel genu PRKAG3 (V1991) u ras hampshire i wielkiej białej oraz u dzika. Ciobanu i wsp. (2001) stwierdzili obecność tego allelu u świń ras landrace, wielkiej białej, berkshire i duroc, identyfikując trzy allele w locus PRKAG3 (RN): 199V-200R (rn⁺), 199V-200Q (RN⁻) i 199I-200R (rn^{*}). W badaniach własnych, przeprowadzonych na licznej grupie tuczników, nie potwierdzono istotnego związku polimorfizmu genu PRKAG3 z fenotypem RN, a więc poziomem glikogenu mięśniowego, wartością potencjału glikolitycznego tkanki mięśniowej, ani z cechami jakości mięsa świeżego i jego przydatności technologicznej (za wyjątkiem wartości pH₂₄).

Fontanesi i wsp. (2003) wykazali w swoich badaniach, że zawartość glikogenu w tkance mięśniowej świń jest związana także z polimorfizmem w locus PKM2 (pyruvate kinase muscle – kinaza pirogronianowa mięśnia).

Gen CAST (gen kalpastatyny)

Gen kalpastatyny (CAST) jest położony w chromosomie 2 świni. Polimorfizm tego genu, zidentyfikowany enzymami restrykcyjnymi *HinfI*, *MspI* i *RsaI*, został opisany przez Ernsta i wsp. (1998). Dane z piśmiennictwa (Ernst i wsp., 1998; Ciobanu i wsp., 2002, 2004) oraz wyniki badań własnych wskazują na związek polimorfizmu tego genu zarówno z cechami umięśnienia (szczególnie masą polędwicy i szynki), jak i jakości mięsa świń (Koćwin-Podsiadła i Kurył, 2003; Koćwin-Podsiadła i wsp., 2003, 2004; Krzęcio i wsp., 2004).

Jednymi z pierwszych prac na temat związku polimorfizmu genu kalpastatyny (CAST) z cechami szeroko rozumianej jakości kulinarnej i przydatności technologicznej mięsa są prace wykonane w Polsce (Koćwin-Podsiadła i Kurył, 2003; Koćwin-Podsiadła i wsp., 2003, 2004; Krzęcio i wsp., 2004; Kurył i wsp., 2004). Na licznej grupie tuczników wolnych od genu RYR1^T wykazano wpływ genotypu CAST na: wartość pH mierzoną bezpośrednio w mięśniu w różnych terminach *post mortem*, tzn. od 2 do 96 godzin (po opuszczeniu tunelu wychładzalni ciągłej); wartość R₁ wskazującą tempo rozkładu ATP w mięśniu *post mortem*; wyciek naturalny i kruchość mięsa odpowiednio w 96 i 48 godzin po uboju.

Gen H-FABP (gen białka transportującego kwasy tłuszczowe mięśnia sercowego)

Gen H-FABP jest zlokalizowany w chromosomie 6 świni. Polimorfizm tego genu, rozpoznawany enzymem restrykcyjnym *HinfI*, zlokalizowano w rejonie 5', zaś w intronie 2 – polimorfizm identyfikowany enzymami *HaeIII* i *MspI*. Gerbens i wsp. (1997), analizując funkcję biochemiczną spełnianą przez białko FABP, wysunęli hipotezę, że gen H-FABP może być genem odpowiedzialnym za zawartość tłuszczu śródmięśniowego w tkance mięśniowej oraz za otluszczenie świń. Wymienieni autorzy w 1999 roku wykazali istotną zależność zawartości tłuszczu śródmięśniowego od genotypu w locus genu H-FABP u świń duroc wolnych od genu RYR1^T. Gerbens i wsp. (1997) odnotowali także istotne różnice między genotypami genu H-FABP (względem mutacji identyfikowanych *HaeIII* i *MspI*) w odniesieniu do grubości słoniny, tempa wzrostu oraz wycieku swobodnego z tkanki mięsnej. W badaniach własnych, przeprowadzonych na tucznikach wolnych od genu RYR1^T, mieszańców z 25 i 50% udziałem genów rasy duroc po stronie ojcowskiej, tzn. (landrace x yorkshire) x duroc i (landrace x yorkshire) x (duroc x pietrain), związek polimorfizmu genu H-FABP stwierdzono jedynie dla grubości słoniny na I krzyżu i długości środkowej tuszy (w przypadku locus *H-FABP/HaeIII*).

Opisaną przez Gerbensa i wsp. (1999) zależność genotypu H-FABP z zawartością tłuszczu śródmięśniowego stwierdzono w badaniach własnych jedynie w przypadku polimorfizmu w locus *H-FABP/HaeIII* w populacji tuczników mieszańców z udziałem rasy duroc, wolnej od genu RYR1^T (Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004). Stwierdzono ponadto istotny związek genotypu H-FABP z wartością cech oceny sensorycznej mięsa oraz zakwaszeniem i wyciekami naturalnymi z tkanki mięśniowej w 24 i 144 godzin *post mortem* (Koćwin-Podsiadła i wsp., 2004).

Cechy jakości mięsa, jako średnio i wysoko odziedziczalne, doskonalić należy na drodze genetycznej (Koćwin-Podsiadła, 2002) oraz poprzez poprawę warunków środowiskowych, związanych głównie z obrotem przedubojowym i ubojem zwierząt (Koćwin-Podsiadła 1998, 2002).

Zakład Deratyzacji „SZCZUROŁAP”



Wiesław i Jarosław Dobrzeńscy
ul. Graniczna 10
87-100 Toruń
tel. (0-56) 655-21-41 lub 654-65-47
tel. kom. 0 601-212-487

Wyniszczam całkowicie bytujące i dochodzące szczury, z gwarancją. Fermy, mieszalnie pasz, zakłady rolne, magazyny, bezpieczeństwo 100%.
Metodę przedstawiłem w filmie „Szczurołap”.
Dla zainteresowanych wdramy HACCP.