

Zgodność fenotypu RN⁻ z polimorfizmem genu PKM2 oraz ich związek z wartością cech jakości mięsa świń rasy landrace

Halina Sieczkowska¹, Elżbieta Krzęcio¹, Katarzyna Antosik¹,
Andrzej Zybert¹, Maria Koćwin-Podsiadła¹, Stanisław Kamiński²,
Elżbieta Wójcik², Joanna Romaniuk¹

¹Akademia Podlaska, Wydział Przyrodniczy, Katedra Hodowli Trzody Chlewniej i Oceny Mięsa, ul. Prusa 14, 08-110 Siedlce

²Uniwersytet Warmińsko-Mazurski, Wydział Bioinżynierii Zwierząt, Katedra Genetyki, ul. Oczipowskiego 5, 10-719 Olsztyn

Celem badań było określenie zgodności fenotypu RN⁻ z polimorfizmem genu PKM2 oraz ich związku z wartością cech jakości mięsa świń rasy landrace. Badania przeprowadzono na 95 tucznikach rasy landrace. Uboju zwierząt dokonano w Sokołowskich Zakładach Mięsnych, z wykorzystaniem oszałamiania elektrycznego oraz wykrwawianiem w pozycji leżącej. Zwierzęta o fenotypie RN⁻?, w porównaniu do zwierząt o fenotypie rn⁺rn⁺, charakteryzowały się wolniejszym spadkiem pH do 35 minut *post mortem*, intensywniejszym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w 96 i 144 godz. po uboju, jaśniejszą barwą mięsa i mniejszą zdolnością utrzymywania wody własnej przez mięso. Zwierzęta o genotypie CC genu PKM2, w porównaniu do zwierząt o genotypach CT i TT, odznaczały się niższą wartością potencjału glikolitycznego i glikogenu, mniej intensywną przemianą glikolityczną i energetyczną wyrażoną mniejszą zawartością kwasu mlekowego i niższą wartością wskaźnika R₁, mniejszym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w 96 i 144 godz. po uboju, ciemniejszą barwą oraz mniejszym wyciekami naturalnym w 96 godz. po uboju. Wśród analizowanych tuczników genotyp PKM2 jest bliski fenotypowi RN⁻. Stwierdzono wysoką zgodność genotypów PKM2 (CT i TT) z fenotypem RN⁻ (RN⁻?).

SŁOWA KLUCZOWE: świnie / fenotyp RN⁻ / gen PKM2 / jakość mięsa

Fenotypowy efekt allelu RN⁻ objawia się już za życia zwierzęcia wyższym poziomem glikogenu w białych mięśniach, niskim pH końcowym, mniejszą zawartością białka w tkance mięśniowej, jaśniejszą jej barwą oraz obniżeniem wydajności technologicznej w procesie peklowania i gotowania [12, 15, 16]. Istnieją przypuszczenia, że genem o podobnym efekcie działania do RN⁻ jest gen kandydujący – PKM2 (Pyruvate Kinase Muscle) [6, 28, 29]. Kinaza pirogronianowa katalizuje przemianę fosfo-enolo-pirogronianu do kwasu pirogronowego, zredukowanego w warunkach beztlenowych do

kwasu mlekowego [3]. Wpływ genu PKM2 na cechy jakości mięsa wieprzowego jest jednak dotąd mało poznany.

Celem badań było określenie zgodności fenotypu RN⁻ z polimorfizmem genu PKM2 oraz ich związku z wartością cech jakości mięsa świn rasy landrace.

Materiał i metody

Badania przeprowadzono na 95 tucznikach rasy landrace odpornych na stres (49 wieprzków i 46 loszek). Objęte badaniami zwierzęta mieściły się w przedziale masy tuszy ciepłej 80-88 kg. Pochodziły one z Ośrodka Hodowli Zarodowej w Jagodnem, będącego własnością firmy Sokołów S.A. Zwierzętom zapewniono jednakowe warunki utrzymania i żywienia (mieszanki pełnoporcjowe stosownie do wieku, firmy Cargill) w trakcie odchowu oraz uboju i postępowania poubojowego z tuszami. Uboju zwierząt dokonano w sezonie jesiennym, w ciągu 2-4 godz. po przebytych transporcie (300 km), z wykorzystaniem oształamiania elektrycznego (system INARCO) i wykrwawianiem w pozycji leżącej, zgodnie z technologią obowiązującą w Sokołowskich Zakładach Mięsnych, należących do firmy SOKOŁÓW S.A. w Sokołowie Podlaskim.

Ocenę stopnia umięśnienia przeprowadzono zgodnie z metodyką obowiązującą w SKURTCh [26].

Oceny jakości mięsa dokonano po uboju zwierząt w mięśni *longissimus lumborum* (LL), na podstawie następujących parametrów: potencjału glikolitycznego (PG) i jego składowych, tj. zawartości glikogenu i kwasu mlekowego, stopnia zakwaszenia tkanki mięśniowej (pH), przewodności elektrycznej (EC), tempa rozkładu ATP wyrażonego wskaźnikiem $R_1 = \text{IMP}/\text{ATP}$, jasności barwy (L^*), zdolności utrzymania wody własnej przez mięso oznaczonej metodą bibułową (WHC), wycieku naturalnego (WN), wydajności mięsa w procesie peklowania i obróbki termicznej (72^o) wyrażonego wskaźnikiem TY.

Potencjał glikolityczny i jego składowe określono w próbach pobranych z mięśnia LL w 45 minut *post mortem*. PG wyliczono według równania opracowanego przez Monin i Sellier [18], zawartość glikogenu określono według metodyki Daifrymple i Hamma [2], a kwasu mlekowego – według Bergmeyer [1]. Pomiaru pH dokonano bezpośrednio w tkance mięśnia LL w 35 minut oraz 2, 3, 24, 48, 96 i 144 godziny *post mortem*, stosując pH-metr MASTER firmy Dramiński. EC mierzono konduktometrem LF-Star firmy Matthauss w 3 i 24 godz. po uboju. Jasność barwy (L^*) tkanki mięśniowej określono przy użyciu aparatu Minolta CR 310 w 24 godz. po uboju. Wartość wskaźnika R_1 określono w 45 min *post mortem*, według metodyki Honikela i Fischer [8]. WHC oznaczono w 24 godz. *post mortem*, zgodnie z metodyką Grau-Hamma [7] w modyfikacji Pohja i Ninivaary [21], wyciek naturalny oznaczono według Prange i wsp. [22] w 48 godz. *post mortem*, a TY – według Naveau i wsp. [20] w modyfikacji Koćwin-Podsiadłej i wsp. [12].

Ponadto w próbkach pobranych z mięśnia LL określono skład podstawowy: zawartość wody i suchej masy według PN-ISO1442:2000, białka ogólnego metodą Kjeldahla według PN-75/A04018 oraz tłuszczu śródmięśniowego metodą Soxhleta według PN-ISO1444:2000.

Genotyp genu RYR1 identyfikowano metodą PCR/RFLP [13]. Polimorfizm genu PKM2 określono metodą PCR-SSCP, według metodyki Fontanesi i wsp. [6]. Fenotyp RN⁻ identyfikowano na podstawie rozkładu wartości potencjału glikolitycznego, wyróżniając fenotyp rn⁺rn⁺ – PG<130 μmol/g i RN⁻? – PG≥130 μmol/g [10, 11].

Uzyskane wyniki opracowano statystycznie przy pomocy programu statystycznego STATISTICA 6.0 PL, z wykorzystaniem jednoczynnikowej analizy wariancji w układzie nieortogonalnym, z uwzględnieniem badanego czynnika, tj. fenotypu RN⁻ lub genotypu PKM2. Poziom istotności różnic między średnimi był weryfikowany z wykorzystaniem testu Tukey'a. Zgodność genotypu PKM2 z fenotypem RN⁻ wyliczono w procentach.

Wyniki i dyskusja

Wśród analizowanych tuczników stwierdzono ok. 36% zwierząt o fenotypie rn⁺rn⁺ i ponad 64% osobników obciążonych genem RN⁻, czyli o fenotypie RN⁻? (tab. 1).

Tabela 1 – Table 1

Frekwencja występowania fenotypów RN⁻ wśród tuczników landrace
The frequency of occurrence of RN⁻ phenotypes in analysed population of Landrace porkers

Gen Gene	Fenotyp Phenotype	n	%
RN ⁻	rn ⁺ rn ⁺	34	35,79
	RN ⁻ ??	61	64,21
	Razem – Total	95	100,00

Uzyskane przez wielu badaczy wyniki dowodzą, iż fenotyp RN⁻ występuje u rasy hampshire i jej mieszańców [4, 14, 19, 25]. Badania Przybylskiego i Koćwin-Podsiadłej [24], przeprowadzone na materiale krajowym rasy hampshire i jej mieszańców, wskazują na obciążenie tych grup fenotypem RN⁻ od 0,59 do 0,71 (odpowiednio dla dwóch stad zarodowych) i 0,17 w grupie mieszańców hampshire x pietrain. Podobną frekwencję stwierdzili Enfält i wsp. [4, 5] u mieszańców (landrace x yorkshire) x hampshire.

Z kolei Miller i wsp. [17] u osobników czystej rasy hampshire zidentyfikowali ok. 40% zwierząt o fenotypie RN⁻RN⁻, ok. 47% RN⁻rn⁺ i tylko ok. 14% zwierząt o fenotypie rn⁺rn⁺. Należy zaznaczyć, że u świń rasy yorkshire nie odnotowano żadnego osobnika o fenotypach RN⁻rn⁺ i RN⁻RN⁻. Natomiast Enfält i wsp. [5] oraz Przybylski [23] po raz pierwszy donieśli o występowaniu fenotypu RN⁻? u świń rasy landrace szwedzkiej (0,01) i polskiej (0,08).

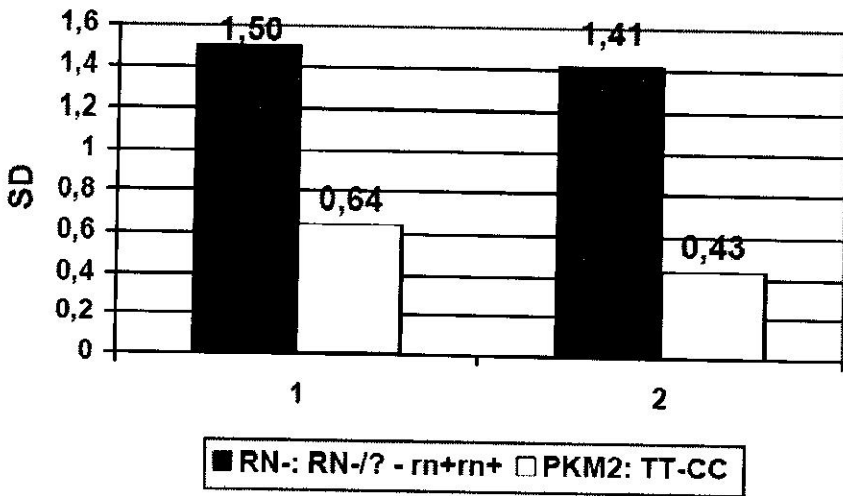
W niniejszych badaniach wykazano wysoko istotny (P≤0,01) wpływ fenotypu RN⁻ na wartość potencjału glikolitycznego i zawartość glikogenu, jak również na stopień zakwaszenia tkanki mięśniowej w 35 min, 96 godz. i 144 godz. po uboju, na jasność barwy mięśnia LL oraz zdolność utrzymywania wody własnej przez mięso (WHC) – tabela 2.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
pH ₃ LL	6.20 ±0.26	6.25 ±0.19	0.86 NS	6.27 ±0.21	6.24 ±0.21	6.18 ±0.24	0.98 NS	6.23 ±0.22	
pH ₂₄ LL	5.55 ±0.09	5.55 ±0.08	0.52 NS	5.54 ±0.09	5.55 ±0.08	5.55 ±0.08	0.10 NS	5.55 ±0.08	
pH ₄₈ LL	5.41 ±0.10	5.38 ±0.06	3.30 NS	5.42 ±0.10	5.39 ±0.07	5.38 ±0.07	0.56 NS	5.40 ±0.13	
pH ₉₆ LL	5.42 ^B ±0.10	5.35 ^A ±0.06	16.99 **	5.42 ^B ±0.11	5.37 ^A ±0.06	5.35 ^A ±0.05	4.70 **	5.38 ±0.08	
pH ₁₄₄ LL	5.48 ^B ±0.13	5.40 ^A ±0.09	10.14 **	5.49 ^B ±0.13	5.41 ^A ±0.11	5.41 ^A ±0.08	4.62 *	5.43 ±0.11	
R ₁	0.90 ±0.04	0.90 ±0.02	1.77 NS	0.89 ^A ±0.02	0.90 ^B ±0.03	0.91 ^B ±0.02	3.59 *	0.90 ±0.03	
EC ₃ (mS/cm)	3.34 ±1.11	3.02 ±0.81	2.58 NS	3.44 ±1.07	2.97 ±0.85	3.19 ±0.93	1.96 NS	3.14 ±0.94	
EC ₂₄ (mS/cm)	4.10 ±1.03	3.71 ±0.89	3.67 NS	3.92 ±1.17	3.70 ±0.72	4.09 ±0.99	1.44 NS	3.85 ±0.96	
Jasność barwy LL [L*]	52.66 ^A ±2.47	55.93 ^B ±3.02	29.02 **	53.49 ^A ±3.14	54.77 ^{ab} ±3.18	55.89 ^b ±3.11	3.32 *	54.76 ±3.24	
Meat lightness of LL	6.43 ±2.04	7.29 ±2.40	3.01 NS	6.33 ±2.18	7.14 ±2.21	7.28 ±2.57	1.18 NS	6.99 ±2.32	
Wyciek naturalny 48 h (%)	10.54 ±3.02	11.40 ±2.85	1.94 NS	9.79 ^A ±2.61	11.27 ^b ±3.08	11.91 ^b ±2.54	3.31 *	11.09 ±2.92	
Wyciek naturalny 96 h (%)	12.24 ±2.81	12.84 ±2.85	0.97 NS	11.65 ±2.24	12.74 ±3.04	13.28 ±2.76	2.02 NS	12.62 ±2.83	
Wyciek naturalny 144 h (%)	4.13 ^A ±1.03	5.22 ^B ±1.30	10.89 **	4.36 ±2.07	4.78 ±1.40	5.37 ±1.51	2.30 NS	4.83 ±1.63	
Drip loss 48 h (%)	103.66 ±5.50	102.94 ±5.68	0.74 NS	103.91 ±5.08	103.18 ±3.80	102.59 ±2.84	1.30 NS	103.20 ±3.91	
TY (%)									

W tabeli przedstawiono F_{emp.} i poziom istotności: **P<0.01; P<0.05; NS – brak istotnych różnic. Wartości przedstawiono w postaci średnich arytmetycznych ± odchylenie standardowe. A, B – średnie różnią się istotnie przy P<0.01; a, b – średnie różnią się istotnie przy P<0.05

The table presents value F_{emp.} and level of significance: **P<0.01; *P<0.05; NS – differences insignificant. The data shown in the table are arithmetic means ± standard deviation. A, B – significant difference for the analysed traits at P<0.01; a, b – significant difference for the analysed traits at P<0.05

Wyższą wartością potencjału glikolitycznego i zawartością glikogenu charakteryzowały się zwierzęta obciążone RN⁻ (o fenotypie RN⁻/?), w stosunku do osobników o fenotypie rn⁺rn⁺. Różnica pomiędzy badanymi fenotypami, podawana w SD, wynosiła dla PG 1,5 SD, a dla glikogenu 1,41 SD (tab. 2, rys.). Różnica między średnią wartością cechy (w tym przypadku PG i glikogenu) dla homozygot danego genu i homozygot wolnych od tego genu (≥ 1 SD) świadczy, że cechy te warunkuje gen główny [27].



1 – potencjał glikolityczny – glycolytic potential; 2 – glikogen – glycogen

Rys. Udział (w SD) różnicy pomiędzy fenotypami RN⁻ i skrajnymi genotypami PKM2
Fig. The part of difference (in SD) between phenotypes the RN⁻ and genotypes PKM2

Tuczniaki o fenotypie RN⁻/? w porównaniu do osobników o fenotypie rn⁺rn⁺ odznaczały się większym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w okresie od 96 do 144 godz. *post mortem*, wyrażonym niższą wartością pH₉₆ i pH₁₄₄ (odpowiednio o 0,07 i 0,08 jednostki), jak również jaśniejszą barwą mięsa (o ponad 3 jednostki). Odwrotną tendencję odnotowano dla zakwaszenia tkanki mięśniowej do 35 minut *post mortem*. Większym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w 35 min *post mortem* charakteryzowały się osobniki o fenotypie rn⁺rn⁺ (o 0,07 jednostki) – tabela 2.

Potwierdzeniem powyższych rezultatów są badania przeprowadzone przez Koćwin-Podsiadłą i wsp. [12] na tuczniakach landrace oraz mieszańcach landrace x yorkshire i landrace x duroc. Z kolei Josell i wsp. [9], w doświadczeniu przeprowadzonym na mieszańcach (landrace x yorkshire) x hampshire, nie stwierdzili statystycznej różnicy między fenotypami RN⁻ dla stopnia zakwaszenia tkanki mięśnia *longissimus dorsi* do 45 minut po uboju, zaś udowodniono statystyczne różnice dla pH w 24 godz. i 48 godz. *post mortem* na niekorzyść zwierząt nosicieli genu RN⁻ (RN⁻rn⁺).

Bardzo ważnym zagadnieniem jest wyciek soku mięśniowego z tkanki mięśniowej w trakcie przechowywania aż do 144 godz. *post mortem*, ponieważ zbyt duży wyciek ogranicza możliwość sprzedaży mięsa kulinarnego.

W niniejszej pracy fenotyp RN⁻ nie różnicował wycieku naturalnego z tkanki mięśniowej w trakcie przechowywania w okresie od 24 do 144 godz. *post mortem*. Nieco wyższy wyciek naturalny (nie udowodniony statystycznie) stwierdzono w grupie zwierząt nosicieli genu RN⁻ (RN⁻/?⁻) w stosunku do osobników o fenotypie rn⁺rn⁺ (odpowiednio o ok. 0,9% dla WN w 48 godz. i 96 godz. oraz 0,60% dla WN w 144 godz. *post mortem*). Udowodniono zaś statystycznie różnicę ($P \leq 0,01$) pomiędzy fenotypami RN⁻ dla zdolności utrzymywania wody własnej przez mięso (WHC). Różnica dla tego parametru między analizowanymi fenotypami RN⁻ kształtowała się na poziomie 1,09 cm², na korzyść osobników o fenotypie rn⁺rn⁺ (tab. 2). Potwierdzeniem uzyskanych w niniejszej pracy rezultatów w zakresie wycieku naturalnego są badania przeprowadzone przez Enfalt i wsp. [5] na tucznikach mieszańcowych (landrace x yorkshire) x hampshire. Z kolei fenotyp RN⁻ różnicował wyciek soku mięśniowego z tkanki mięśniowej na niekorzyść zwierząt nosicieli genu RN⁻ w doświadczeniach przeprowadzonych przez Koćwin-Podsiadłą i wsp. [11] na tucznikach landrace oraz mieszańcach landrace x yorkshire i landrace x duroc, a także Miller i wsp. [17] oraz Lundström i wsp. [15] – wśród świń rasy hampshire.

Kolejnym etapem badań była analiza oddziaływania genotypu PKM2 na wartość potencjału glikolitycznego i jego składowych (glikogen i kwas mlekowy) oraz na wartość szeregu cech jakości i przydatności technologicznej mięsa. Gen PKM2 odpowiada w procesie glikogenolizy za końcowy etap rozkładu glikogenu, tj. od pirogronianu do kwasu mlekowego.

Poddane analizie stado tuczników znajdowało się, odnośnie genotypów genu PKM2, w stanie równowagi genetycznej zgodnie z regułą Hardy'ego-Wenberga. W niniejszej pracy nie odnotowano istotnych różnic między frekwencją obserwowaną a oczekiwaną dla poszczególnych genotypów genu PKM2 (CC, CT i TT) – tabela 3.

Wśród badanych tuczników zidentyfikowano ponad 23% osobników o genotypie CC, ok. 52% heterozygot CT oraz ponad 25% homozygot TT względem genu PKM2. Z kolei frekwencja poszczególnych alleli (C i T) genu PKM2 kształtowała się na zbliżonym poziomie i wynosiła: dla C – 48,95%, a dla T – 51,05% (tab. 3).

Fontanesi i wsp. [6] w swoich badaniach donoszą o następującej frekwencji występowania alleli C i T genu PKM2 u różnych ras świń: wielka biała – 47% i 53%, landrace – 60% i 40%, duroc – 37% i 63%, belgijska landrace – 79% i 21%, hampshire – po 50%, pietrain – 58 i 42% oraz meishan – 6% i 94%.

W niniejszych badaniach udowodniono statystycznie wpływ genotypu PKM2 na wartość potencjału glikolitycznego i jego składowych, tj. glikogenu i kwasu mlekowego, jak również na wartość pH w 96 i 144 godz. *post mortem*, wskaźnik przemian energetycznych (R_1) i wyciek naturalny w 96 godz. po uboju (tab. 2).

Zwierzęta o genotypie CC, w porównaniu do zwierząt o genotypach CT i TT, charakteryzowały się niższą wartością potencjału glikolitycznego (123,91 $\mu\text{mol/g}$ wobec 148,47 $\mu\text{mol/g}$, 144,91 $\mu\text{mol/g}$) i glikogenu (43,31 $\mu\text{mol/g}$ wobec 53,73 $\mu\text{mol/g}$ i 50,29

Tabela 3 – Table 3

Frekwencja występowania genotypów i alleli genu PKM2 w grupie tuczników landrace
 The frequency of occurrence of genotypes and alleles of PKM2 gene in analysed group of Landrace porkers

Genotyp Genotype PKM2	n	Frekwencja alleli Frequency of alleles (%)	Frekwencja genotypów Frequency of genotype		Istotność różnic Significance of differences
			obserwowana observed (%)	oczekiwana* expected* (%)	
CC	22		23,16	23,96	NS
CT	49		51,58	49,98	NS
TT	24		25,26	26,06	NS
Ogółem Total	95		100,00	100,00	
C		48,95			
T		51,05			

*Frekwencję oczekiwaną wyliczono zgodnie z regułą Hardy'ego-Wenberga

Istotność różnic między frekwencją genotypów obserwowaną i oczekiwaną weryfikowano testem chi-kwadrat; NS – brak istotności

*Expected frequency was calculated according to Hardy-Wenber rule

Significance of differences between observed and expected frequency was identified with chi-square test; NS – not significant

μmol/g), mniej intensywną przemianą glikolityczną, wyrażoną niższą zawartością kwasu mlekowego, oraz energetyczną, wyrażoną niższą wartością wskaźnika R₁, jak również mniejszym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w 96 i 144 godz. po uboju. Ponadto mięso analizowanych zwierząt charakteryzowało się ciemniejszą barwą (o 2,5 jednostki) oraz mniejszym wyciekami naturalnym w 96 godz. po uboju (o 2%) – tabela 2.

Potwierdzeniem powyższych rezultatów, dotyczących potencjału glikolitycznego oraz jego składowych, tj. zawartości glikogenu i kwasu mlekowego, a także zakwaszenia tkanki mięśniowej w 96 i 144 godz., są wyniki badań uzyskane przez Sieczkowską i wsp. [29] także na rasie landrace.

Tabela 4 – Table 4

Zgodność fenotypu RN⁻ z genotypem PKM2

The accordance of RN⁻ phenotype with the PKM2 genotype

Fenotyp Phenotype RN ⁻	n	Genotyp – Genotype PKM2			Ogółem Total n=95
		CC m ⁺ m ⁺	CT RN ⁻ /m ⁺	TT RN ⁻ /RN ⁻	
m ⁺ m ⁺	n	15	13	6	34
	%	44,12	38,24	17,64	100
RN ⁻ /? (RN ⁻ RN ⁻ ; RN ⁻ m ⁺)	n	7	36	18	61
	%	11,48	59,02	29,50	100

Fontanesi i wsp. [6] w swoich badaniach również udowodnili wpływ genotypu PKM2 na zawartość glikogenu, na korzyść zwierząt o genotypie CC.

W tabeli 4 przedstawiono zgodność fenotypu RN⁻ z genotypem PKM2. Stwierdzono wysoką zgodność genotypów PKM2 (CT i TT) z fenotypem RN⁻ (RN⁻?), na poziomie ok. 89%. Wśród świń landrace genotyp PKM2 może być bliski fenotypowi RN⁻, mimo że różnica pomiędzy skrajnymi homozygotami genu PKM2 dla potencjału glikolitycznego, wyliczona w SD, wynosi tylko 0,64 (rys.).

PIŚMIENNICTWO

1. BERGMAYER H.U., 1974 – Methods of enzymatic analysis. Academic Press, New York, 1127.
2. DALRYMPLE R.H., HAMM R., 1973 – A method for the extraction of glycogen and metabolites from a single muscle. *Journal Food Technological* 8, 439-444.
3. DAVOLI R., BIGI D., FONTANESI L., ZAMBONELLI P., YERLE M., ZIJLSTRA C., BOSMA A.A., ROBIC A., RUSSO V., 2002 – Mapping of 14 expressed sequence tags (ESTS) from porcine skeletal muscle by somatic cell hybrid analysis. *Animal Genetics* 31, 400-403.
4. ENFÄLT A.C., LÜNDSTRÖM K., LUNDKVIST L., KARLSSON A., HANSSON I., 1994 – Technological meat quality and the frequency of the RN⁻ gene in purebred Swedish Hampshire and Yorkshire pigs. 40th ICOMST, The Hague, Paper S. IV A. 08.
5. ENFÄLT A.C., LÜNDSTRÖM K., HANSSON I., JOHANSEN S., NYSTRÖM P.E., 1997 – Comparison of non-carriers and heterozygous carriers of the RN⁻ allele for carcass composition, muscle distribution and technological meat quality in Hampshire – sired pigs. *Livestock Production Science* 47, 221-229.
6. FONTANESI L., DAVOLI R., NANI COSTA L., SCOTTIO E., RUSSO V., 2003 – Study of candidate genes for glycolytic potential of porcine skeletal muscle: identification and analysis of mutations, linkage and physical mapping and association with meat quality traits in pigs. *Cytogenet. Genome Res.* 102, 145-151.
7. GRAU R., HAMM R., 1952 – Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung in Fleisch. *Fleischwirtschaft* 4, 295-297.
8. HONIKEL K.O., FISHER H., 1977 – A rapid method for the detection of PSE and DFD porcine muscles. *Journal of Food Science* 42, 1633-1636.
9. JOSELL A., GERTRUD S., TORNBORG E., 2003 – Sensory quality and the incidence of PSE of pork in relation to crossbreed and RN phenotype. *Meat Science* 65, 651-660.
10. KOĆWIN-PODSIADŁA M., KRZĘCIO E., KURYŁ J., POSPIECH E., GRZEŚ B., ZYBERT A., SIECZKOWSKA H., ANTOSIK K., ŁYCZYŃSKI A., 2004 – Wpływ form polimorficznych wybranych genów na mięsność oraz właściwości fizykochemiczne i funkcjonalne tkanki mięśniowej. Praca zbiorowa pod redakcją prof. M. Światońskiego. Wyd. AR Poznań.
11. KOĆWIN-PODSIADŁA M., KRZĘCIO E., ZYBERT A., ANTOSIK K., SIECZKOWSKA H., KURYŁ J., POSPIECH E., MONIN G., 2006 – The effect of RN⁻ gene on meat quality of stress resistant fatteners. *British Society of Animal Science*, vol.1, suppl., 180-181.
12. KOĆWIN-PODSIADŁA M., PRZYBYLSKI W., KACZOREK S., KRZĘCIO E., 1998 – Quality and technological yield of PSE (pale, soft, exudative) – Acid – and Normal pork. *Polish Journal of Food and Nutrition Sciences*, vol. 7/48, No. 2, 217-222.
13. KURYŁ J., KORWIN-KOSSAKOWSKA A., 1993 – Genotyping of Halⁿ locus by PCR method explaining some cases of incomplete penetrance of Halⁿ gene. *Animal Science Papers and Reports* 11, 271-277.

14. LE ROY P., NAVEAU J., ELSEN J.M., SELLIER P., 1990 – Evidence for a new major gene influencing meat quality in pigs. *Genetics Res.* 55, 33-40.
15. LÜNDSTRÖM K., ANDERSSON A., MAERZ S., HANSSON I., 1994 – Effect of the RN⁺ gene on meat quality and lean meat content in crossbred pigs with Hampshire as terminal sire. Proc. 40th ICOMST, The Hague, Paper S. IVA. 07.
16. LÜNDSTRÖM K., ENFALT A.C., TORNBORG E., AGERHEM H., 1998 – Sensory and technological meat quality in carriers and non-carriers of the RN⁺ allele in Hampshire crosses and in purebred Yorkshire pigs. *Meat Science*, vol. 48, No. 1/2, 115-124.
17. MILLER K.D., ELLIS M., Mc KEITH F.K., BIDNER B.S., MEISINGER D.J., 2000 – Frequency of the Rendement Napole RN⁺ allele in a population of American Hampshire pigs. *Journal of Animal Science* 78, 1811-1815.
18. MONIN G., SELLIER P., 1985 – Pork of low technological quality with a normal rate of muscle pH fall in the immediate *post mortem* period: the case of the Hampshire breed. *Meat Science* 13, 49-63.
19. MONIN G., TALMANT A., VALIN C., 1987 – A possible relation between muscle residual glycogen and yield meat processing by curing and cooking. 33rd ICOMST, Helsinki, 6-21.
20. NAVEAU J., POMMERET P., LECHAUX P., 1985 – Proposition d'une méthode de mesure du rendement technologique: la „method Napole”. *Techni. Porc.* 8, 7-13.
21. POHJA N.S., NINIVAARA F.P., 1957 – Die Estimmung der Wasserbindung des Fleisches mittels der Konstandruckmethods. *Fleischwirtschaft* 9, 193-195.
22. PRANGE H., JUGRRT L., SCHRNER E., 1977 – Untersuchungen zur Muskel fleischqualität beim Schwein. *Archives of Experiments in Veterinary Medicin* 31(2), 235-248.
23. PRZYBYLSKI W., 2002 – Wykorzystanie potencjału glikolitycznego mięśnia *longissimus dorsi* w badaniach nad uwarunkowaniem wybranych cech jakości mięsa wieprzowego. Rozprawa habilitacyjna, Fundacja Rozwój SGGW, Warszawa.
24. PRZYBYLSKI W., KOĆWIN-PODSIADŁA M., 1998 – Częstość występowania genu RN⁺ u świń rasy Hampshire i jej mieszańców z rasą Pietrain. Sympozjum Naukowe „Nauka w Polskiej Zootechnice XXI wieku”, Lublin, 10-11 września, 113-114.
25. PRZYBYLSKI W., KOĆWIN-PODSIADŁA M., KACZOREK S., KRZĘCIO E., NAVEAU J., MONIN G., 1996 – Efekt genu RN⁺ w zakresie cech jakości mięsa świń pochodzących z krzyżowania rasy wbp, linii pbz-23 oraz knurów linii P-76 i rasy hampshire. *Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego* 26, 143-149.
26. RÓŻYCKI M., 1996 – Zasady postępowania przy ocenie świń w Stacjach Kontroli Użytkowości Rzeźnej Trzody Chlewnej. Stan Hodowli i Wyniki Oceny Świń. Instytut Zootechniki, Kraków, 505-541.
27. SELLIER P., 1998 – Genetics of meat and carcass traits. In: The genetics of the pig (eds M.F. Rothschild and A. Ruvinisky), CAB Int., 463-510.
28. SIECZKOWSKA H., ZYBERT A., KRZĘCIO E., ANTOSIK K., KOĆWIN-PODSIADŁA M., KAMIŃSKI S., WÓJCIK E., PODSIADŁY W., 2007 – The effect of PKM2 gene polymorphism on pork meat quality. ICOMST, Beijing, China, 279-280.
29. SIECZKOWSKA H., ZYBERT A., KRZĘCIO E., ANTOSIK K., KOĆWIN-PODSIADŁA M., KAMIŃSKI S., WÓJCIK E., PODSIADŁY W., 2007 – The effect of PKM2 gene polymorphism on pork meat quality. ICOMST, Beijing, China, 269-270.

Halina Sieczkowska, Elżbieta Krzęcio, Katarzyna Antosik,
Andrzej Zybert, Maria Koćwin-Podsiadła, Stanisław Kamiński,
Elżbieta Wójcik, Joanna Romaniuk

The accordance of RN⁻ phenotype with polymorphism of PKM2 gene and their relationship with meat quality values of Landrace pigs

S u m m a r y

The aim of investigations was to analyse the accordance of RN⁻ phenotype with polymorphism of PKM2 gene and their relationship with meat quality values of Landrace pigs. The work was conducted on 95 Landrace porkers. The animals were slaughtered at the Sokołów Meat Plant using an electric stunner and bled lying down. Animals with phenotype RN⁻? in comparison to the animals with rn⁺rn⁺ phenotype were characterized by a slow decline in pH value till 35 min *post mortem*, by more intensive acidification of muscle *longissimus lumborum* since 24 to 144 h *post mortem*, brighter colour of meat and by lower water holding capacity (WHC). The porkers with genotype CC of PKM2 gene as compared to animals with CT and TT genotypes were characterized by with a lower value of glycolytic and glycogen potential, less intensive glycolytic and energetic transformation, as expressed by the lower lactic acid content and lower value of coefficient R₁, smaller acidification of muscle *longissimus lumborum* at 96 h and 144 h *post mortem*, by darker colour of meat and smaller drip loss at 96 h *post mortem*. From among the analysed porkers, genotype PKM2 is near to phenotype RN⁻. The high agreement of genotypes PKM2 (CT and TT) with phenotype RN⁻ (RN⁻RN⁻; RN⁻rn⁺) was found.

