

**Autoreferat**  
**przedstawiający opis dorobku i osiągnięć naukowych**  
(w języku polskim)

**dr inż. Katarzyna Antosik**

Siedlce 2014

1. **Imię i Nazwisko** Katarzyna Antosik

2. **Posiadane dyplomy, stopnie naukowe:**

25.06.1999 magister inżynier  
Szkola Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,  
Wydział Technologii Żywności, Kierunek Technologia Żywności i  
Żywienie Człowieka w zakresie Technologii Żywności,  
specjalność Technologia Mięsa  
tytuł pracy: „*Wpływ linii genetycznej na wybrane wyróżniki jakości  
tuszek i mięsa kurcząt*”  
promotor: dr inż. Mirosław Słowiński

04.10.2006 doktor inżynier nauk rolniczych, dyscyplina zootechnika  
Akademia Podlaska w Siedlcach, Wydział Rolniczy  
tytuł pracy: „*Przydatność przewodności elektrycznej w diagnozowaniu  
jakości mięsa wieprzowego*” – **Praca wyróżniona**  
promotor: prof. dr hab. Maria Koćwin – Podsiadła

06.03.2012 dyplom ukończenia studiów podyplomowych  
Szkola Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie,  
Wydział Nauk o Żywieniu Człowieka i Konsumpcji,  
3-semestralne studia podyplomowe w zakresie  
Poradnictwa Żywieniowego i Dietetycznego  
praca dyplomowa pt.: „*Dietoterapia w otyłości*”

3. **Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu w jednostkach naukowych:**

01.03.2000 – 31.01.2001 **pracownik inżynierjno - techniczny**  
Katedra Hodowli Trzody Chlewnej  
Akademia Podlaska w Siedlcach  
(obecnie Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny)

01.02.2001 – 16.01.2007 **asystent**  
Katedra Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa  
Akademia Podlaska w Siedlcach  
(obecnie Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny)

17.01.2007 – 28.02.2011

**adiunkt**

Katedra Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa

Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny w Siedlcach

01.03.2011 – 30.09.2013

**adiunkt**

Międzywydziałowe Studium Dietetyki – działalność dydaktyczna i organizacyjna

Katedra Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa – działalność naukowa

Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny w Siedlcach

od 01.10.2013

**adiunkt**

Katedra Dietetyki i Oceny Żywności

Instytut Nauk o Zdrowiu, Wydział Przyrodniczy

Uniwersytet Przyrodniczo Humanistyczny w Siedlcach

**4. Wskazanie osiągnięcia wynikającego z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.)**

Osiągnięciem naukowym wynikającym z art. 16 ust. 2 ustawy z dnia 14 marca 2003 roku o stopniach naukowych i tytule naukowym oraz o stopniach i tytule w zakresie sztuki (Dz. U. nr 65, poz. 595 ze zm.) i stanowiącym podstawę do ubiegania się o stopień naukowy doktora habilitowanego jest monografia pt.: *„Uwarunkowania genetyczne zawartości tłuszczu śródmięśniowego oraz jego przydatność w diagnozowaniu jakości mięsa wieprzowego”*.

**a) Autor, tytuł, rok wydania, nazwa wydawnictwa:**

Katarzyna Antosik, **Uwarunkowania genetyczne zawartości tłuszczu śródmięśniowego oraz jego przydatność w diagnozowaniu jakości mięsa wieprzowego**, 2014, Wydawnictwo UPH w Siedlcach.

**4.1. Omówienie celu naukowego w/w rozprawy, jak również osiągniętych wyników wraz z omówieniem ich ewentualnego wykorzystania**

**4.1.1. Wprowadzenie**

W ostatnich latach obserwuje się wzrost udziału kulinarnego mięsa świeżego w sprzedaży. W świetle powyższego, szczególnego znaczenia dla przemysłu mięsnego nabierają cechy jakości mięsa, na które zwraca uwagę konsument w momencie podejmowania decyzji o

jego zakupie [Barbut i wsp. 2008]. To właśnie wymagania konsumenta są podstawowym kryterium kształtującym jakość produktu. Znajomość potrzeb klientów, preferencji oraz opinii konsumentów o walorach mięsa i produktów mięsnych jest bardzo ważna, bowiem produkty nieakceptowane przez konsumentów po prostu nie utrzymują się na rynku [Babicz – Zielińska i Zabrocki 2007].

O preferencjach konsumenckich dotyczących wyboru rodzaju mięsa czy przetworów mięsnych niewątpliwie decyduje odpowiedni poziom tłuszczu śródmięśniowego, który ma duży wpływ na barwę, smak, kruchość i soczystość mięsa. Zdecydowana większość konsumentów nabywając mięso świeże preferuje czerwono-różową jego barwę, bez widocznego przetłuszczenia śródmięśniowego (marmurkowatości) oraz bez wycieku [Połom i Baryłko-Pikielna 2005, Fortomaris i wsp. 2006]. Mięso kulinarne powinno jednak zawierać odpowiednią ilość tłuszczu śródmięśniowego, ażeby spełnić oczekiwania nabywców dotyczące atrakcyjności sensorycznej produktu. Preferowane bowiem przez konsumentów mięso chude charakteryzuje się po obróbce cieplnej na ogół niższą jakością sensoryczną, niż mięso o wyższym stopniu marmurkowatości [Resurreccion 2004, Jaworska i wsp. 2007].

Większa świadomość żywieniowo – zdrowotna społeczeństwa, wymusiła jednak na producentach mięsa nowe sposoby jego produkcji i przetwórstwa. Prowadzona intensywna selekcja w kierunku wysokiej zawartości mięsa w tuszy wieprzowej przyczyniła się do obniżenia otluszczenia tuszy, co z kolei przyczyniło się do zmian ilościowych i jakościowych tłuszczu podskórnego, a także między- i śródmięśniowego [Różycki 2005, Lisiak i wsp. 2011]. Należy jednak pamiętać, że tłuszcz jest tym składnikiem mięsa, którego nie można zupełnie wyeliminować poprzez prowadzone selekcje hodowlane czy stosowane zabiegi technologiczne. W mięsie tłustym tłuszcz jest łatwo widoczny, ale nawet najchudsze mięso zawiera tłuszcz w komórkach i błonach komórkowych, w tkance łącznej i przestrzeniach międzykomórkowych. Tłuszcz śródmięśniowy, oznaczany w nazewnictwie międzynarodowym jako IMF (*intramuscular fat*) jest to tłuszcz zlokalizowany wewnątrz włókien mięśniowych oraz w tkance łącznej pomiędzy pęczkami włókienek mięśniowych [Blicharski i wsp. 2006].

Biorąc pod uwagę potrzeby przetwórców mięsa oraz wymagania konsumentów, istotne jest dążenie do zapewnienia takiego poziomu tłuszczu śródmięśniowego w mięsie świń, aby utrzymać na wysokim poziomie właściwości sensoryczne mięsa, głównie kruchość i smakowitość [Wood i wsp. 2004].

Instytucje odpowiadające za hodowlę świń koncentrują się obecnie na możliwościach sterowania właściwościami mięsa wykorzystując osiągnięcia genetyki molekularnej jak i poprzez modyfikację czynników środowiskowych [Rosenvold i Andersen 2003, Koćwin-

Podsiadła i Krzęcio 2004]. Prowadzone badania nad molekularnym mechanizmem odkładania tkanki tłuszczowej u świń mogą z jednej strony przyczynić się do zwiększenia efektywności produkcji zwierzęcej i do poprawy jakości technologicznej oraz dietetycznej produktów mięsnych, z drugiej zaś mogą stanowić podstawę dla badań nad predyspozycjami otyłości ludzi [Spalding i wsp. 2008; Świtoński i wsp. 2010, Cieślak i wsp. 2011]. Uzyskane przez wiele ośrodków naukowych zarówno w Polsce jak i na świecie, w tym zakresie wyniki i niezgodności wskazują, iż kwestia genetycznego uwarunkowania poziomu tłuszczu śródmięśniowego u świń nie jest jeszcze jednoznacznie wyjaśniona.

Zaobserwowane, w różnych krajach, różnice w ustaleniu optymalnego poziomu IMF w mięsie jako satysfakcjonującego dla właściwości sensorycznych, wynikają z odmiennych preferencji konsumenckich dotyczących jakości wieprzowiny [Wood i wsp. 2004, Molenda i wsp. 2005, Ellis 2006]. Generalnie, w krajach europejskich przyjmuje się, iż minimalna zawartość tłuszczu w mięsie powinna wynosić 2,0%, a większość autorów obecnie przychyliła się do tego, aby zakres mięsa dobrej jakości dla zawartości tłuszczu śródmięśniowego mieścił się w granicach 2 – 3 % [Wood i wsp. 1994, Koćwin – Podsiadła i wsp. 2004, Przybylski i wsp. 2007]. Poziom IMF poniżej 1 % natomiast uznawany jest za niedopuszczalny, grożący obniżeniem smaku, soczystości i kruchości mięsa, które po obróbce termicznej staje się suche i łykowane [Schwörer i wsp. 2000].

Jakość surowca jest ważnym czynnikiem wpływającym na przydatność przetwórczą i cechy gotowego wyrobu mięsnego oraz jego akceptowalność przez konsumenta, w związku z czym istotne jest prawidłowe wykrywanie jego wad we wczesnym okresie poubojowym [Słowiński i Chmiel 2013]. Najczęściej w przemyśle mięsnym szybkiej oceny jakości surowca dokonuje się przy pomocy pomiarów pH, jasności barwy, przewodności elektrycznej i wskaźnika przemian energetycznych  $R_1$ . Jednym z przydatnych parametrów wykorzystywanych do oceny jakości mięsa może być zawartość tłuszczu śródmięśniowego, o czym świadczą stwierdzone istotne zależności IMF z cechami jakości technologicznej i sensorycznej mięsa. W warunkach, gdy powszechne jest zainteresowanie konsumentów problemami otyłości, chorób serca i cukrzycy, zawartość tłuszczu i kwasów tłuszczowych w mięsie zyskują na znaczeniu.

Skład tuszy, zawartość w niej tłuszczu między - i śródmięśniowego, zależy przede wszystkim od grupy rasowej, płci, wieku, poziomu żywienia i składu dawki pokarmowej, potencjału genetycznego, który w znacznym stopniu związany jest z typem zwierzęcia oraz mięsnością tusz [Migdał i wsp. 2007].

Niewątpliwie, najważniejszym czynnikiem genetycznym mającym wpływ na jakość żywieniową i technologiczną mięsa wieprzowego, w tym na zawartość tłuszczu

śródmięśniowego, jest rasa lub schemat krzyżowania, z którego pochodzi tucznik [Grzeškowiak i wsp. 2010].

Zdaniem Blicharskiego i Hammermeister [2006] zawartość IMF u większości współczesnych ras świń, zarówno w kraju jak i wielu państwach europejskich jest znacznie niższa niż 3 %, w związku z czym nie ma obawy o przekroczenie tego poziomu wśród tuczników chowu masowego. Różycki [2005] podaje, że w użytkowanych w Polsce rasach ojcowskich najmniejszym otłuszczeniem charakteryzują się świny rasy pietrain, zaś najwięcej tłuszczu uzyskuje się z tusz świń rasy duroc. Z danych amerykańskich [Wood i wsp. 1994] wynika, że zawartość tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus dorsi* świń rasy duroc kształtuje się w granicach 5 – 8 %. Rasa duroc wyhodowana natomiast w Danii odznacza się zdecydowanie niższym, aczkolwiek optymalnym poziomem IMF w mięśniu *LD* – 2,5 – 3 %. Oprócz pożądanej zawartości IMF zwierzęta rasy duroc charakteryzują się również niewielką grubością tłuszczu podskórnego, w związku z czym, jak podają Stachowiak i Świtoński [2009], rasa ta jest szczególnie interesująca w zakresie ustalenia profilu ekspresji genów typowego dla świń, których mięso wykazuje pożądane walory kulinarne.

Aktualnie w doskonaleniu surowca wieprzowego w Polsce wykorzystuje się importowane z Danii (landrace, yorkshire, duroc) i Francji (naima, P76) zwierzęta, które przedstawiają wysoką wartość hodowlaną zarówno pod względem wskaźników ilościowych, jak i jakości pozyskiwanej wieprzowiny [Koćwin – Podsiadła i wsp. 2003, Przybylski i wsp. 2010]. Zarówno w Europie jak i na świecie, do produkcji wieprzowiny preferowane są tuczniaki pochodzące z krzyżowania ras (landrace x yorkshire) x duroc [Candek – Potokar i wsp. 1998, Krzęcio i wsp. 2004]. Z uwagi na brak obecności wśród tych mieszańców genu wrażliwości na stres *RYRI*<sup>T</sup> oraz genu mięsa kwaśnego *RN*, ten wariant krzyżowania umożliwia produkcję tuczników charakteryzujących się wysoką jakością mięsa.

Poziom tłuszczu śródmięśniowego istotnie wpływa na szereg cech jakości mięsa, co skłoniło wielu badaczy do poszukiwań jego genetycznych uwarunkowań. Dzięki dynamicznemu rozwojowi metod genetyki molekularnej w hodowli zwierząt możliwe stało się poznanie lokalizacji, struktury oraz funkcjonowania genów odpowiedzialnych za kształtowanie się cech ważnych z ekonomicznego punktu widzenia [Kmieć i wsp. 2010]. Szczególną uwagę poświęca się genom, określanym skrótem QTL (*quantitative trait loci*), wpływającym w znaczący sposób na zmienność cech ilościowych (poligenicznych) [Świtoński 2008, Ernst i Steibel 2013].

Jak podają Urbański [2003] oraz Stachowiak i Świtoński [2009], wśród genów kandydujących do odgrywania znaczącej roli w kształtowaniu zmienności cech otłuszczenia wymienia się:

- geny adipocytokin, które kodują białka wytwarzane i wydzielane przez tkankę tłuszczową (*LEP, LEPR, ADIPOQ*),
- geny kontrolujące pobieranie pokarmu oraz homeostazę energetyczną organizmu (*MC3R, MC4R, CART, TG, GHRL*),
- geny kodujące białka zaangażowane w metabolizm i transport lipidów (*FABP, HFABP, DGAT1, SCD1*),
- geny kodujące białka funkcjonalnie związane z procesami wzrostu i różnicowaniem komórek oraz rozwojem mięśni szkieletowych (*GH, GHR, GHRH, IGF1 i II, PIT1, MYOG, MYF5, MYF6*).

Zhao i wsp. [2009] donoszą, że mechanizm występowania większej zawartości IMF u świń charakteryzujących się wybitnym otłuszczeniem, być może wynika z wyższego poziomu ekspresji genów związanych z lipogenezą bądź transportem kwasów tłuszczowych oraz z niższego poziomu ekspresji genów biorących udział w katabolizmie lipidów. Z kolei Cánovas i wsp. [2010] sugerują, że selekcja na zwiększenie zawartości IMF u świń prowadzi do przesunięcia, ale nie do zaburzeń metabolicznej homeostazy w komórkach mięśniowych w związku z czym należałoby prowadzić szersze badania mające na celu wyjaśnienie wpływu odkładania lipidów na metabolizm mięśniowy świń. W związku z powyższym geny związane z lipogenezą, wzrostem i różnicowaniem komórek można analizować również w zakresie ich oddziaływania na zawartość tłuszczu śródmięśniowego.

Na zawartość tłuszczu śródmięśniowego mogą również wpływać geny kodujące białka biorące udział w transporcie i przemianach kwasów tłuszczowych w komórkach. Transport kwasów tłuszczowych poprzez błony komórkowe oraz w obrębie cytoplazmy zachodzi m. in. z udziałem białek wiążących kwasy tłuszczowe (ang. fatty acid-binding protein –FABP) [Chmurzyńska i Świtoński 2004]. Większość prac dotyczących genetycznych uwarunkowań zawartości tłuszczu śródmięśniowego wskazuje na gen *HFABP* jako gen odpowiedzialny za tą cechę, który podlega ekspresji w komórkach mięśnia sercowego i mięśniach szkieletowych [Gerbens i wsp. 1999, Koćwin – Podsiadła i wsp. 2004]. Na związek polimorfizmu tego genu z IMF, wśród tuczników rasy duroc i mieszańców z jej udziałem, wskazywali Gerbens i wsp. [1999], Ovilo i wsp. [2000] oraz Sieczkowska i wsp. [2006 a]. Podobnie, Schwab i wsp. [2009] stwierdzili istotne zróżnicowanie w zawartości tłuszczu śródmięśniowego tuczników duroc związane z genotypami genów *FABP3* oraz *MC4R* (gen receptora melanokortyny). Z kolei Urban i wsp. [2002] nie potwierdzili tych zależności wśród tuczników ras large white i landrace, a Sieczkowska i wsp. [2006 b] w populacji landrace i landrace x yorkshire.

Jak podają Ruś i wsp. [2011] zawartość tłuszczu śródmięśniowego może być także kształtowana przez inne polimorficzne geny biorące udział w syntezie lipidów i degradacji

kwasów tłuszczowych. Genem kandydatem do tej roli może być gen syntetazy długołańcuchowych acylo-CoA (*ACSL*) ulegający ekspresji w różnych tkankach takich jak wątroba, serce, płuco, żołądek, śledziona, mózg, mięśnie szkieletowe, słonina, macica, jajniki i jądra [Mercade i wsp. 2006]. Z kolei gen *DECRI* koduje enzym mitochondrialny biorący udział w betaoksydacji kwasów tłuszczowych i jest zaangażowany w kontrolę odkładania tłuszczu i białka [Kamiński i wsp. 2009].

Lin [2009] donosi, iż zarówno zdolność odkładania tłuszczu jak i skład kwasów tłuszczowych są cechami bardzo złożonymi, które mogą być kontrolowane przez wiele genów. Z tego powodu konieczna jest ocena innych genów, kodujących enzymy biorące udział w procesie glikolizy i proteolizy, kandydujących dla tych cech (m in. *GLUT4*, *PKM2*, *PRKAG3*, *CAST*). Niektóre geny kodujące enzymy szlaków proteolitycznych wykazują istotny związek z kruchością mięsa i mogą być dobrymi wskaźnikami jakości mięsa, w tym na przykład zawartości tłuszczu śródmięśniowego. Dla przykładu systemy proteolityczne: kapaina/kalpastatyna oraz cystatyna B/katepsyna B odgrywają znaczącą rolę we wzroście i rozwoju mięśni, procesach degradacji białek mięśniowych oraz dojrzewaniu mięsa po uboju [Urbański i wsp. 2010].

Badania dotyczące współdziałania genów, w zakresie kształtowania mięsności i jakości mięsa tuczników wskazują, że mutacja w *locus* jednego genu może wzmacniać, bądź niwelować efekt mutacji w *locus* drugiego genu [Koćwin-Podsiadła i wsp. 2009]. Należy podkreślić, iż dotychczas w zakresie kształtowania jakości mięsa, w tym zawartości tłuszczu śródmięśniowego, pojawiło się niewiele prac opisujących asocjacje międzygenowe, a które dotyczyły przede wszystkim genów *RYRI*, *RN*, *HFABP*, *CAST*, *MYOG*, *PKM2* i *GLUT4*.

Jak podaje Morrow [2012] mechanizmy epigenetyczne w żywej komórce odpowiadają za regulację ekspresji genów. Pod wpływem różnorodnych czynników zewnętrznych informacja genetyczna może podlegać modyfikacjom o charakterze chemicznym takim jak metylacja DNA, modyfikacje histonów lub modyfikacje *microRNA*. Powstające zmiany decydują o aktywności genów regulatorowych, co skutkuje precyzyjną kontrolą ekspresji genów strukturalnych. W ten sposób następuje m.in. regulacja różnicowania i rozwoju poszczególnych komórek organizmu w określonym kierunku [Morrow 2012].

McCarthy [2010] z kolei pokazał w swoich badaniach, jak niewielki istnieje związek między otyłością czy cukrzycą i genami. Autor stwierdził brak silniejszych powiązań między genotypem a największymi epidemiami naszych czasów (otyłością i cukrzycą), używając przy tym sformułowań takich jak: „niewielki wpływ”, „stosunkowo mało wyników pozytywnych”, „wciąż pozostaje niejasne” czy „słabo wytłumaczone przez współczesne nauki biologiczne”.



Inni autorzy [Grayson 2010, Hyman 2011] twierdzą natomiast, że jakość i kombinacje znajdujących się w jedzeniu odżywczych makroskładników (białek, tłuszczów, węglowodanów) i mikroskładników (witamin i minerałów), składników roślinnych oraz błonnika wpływają na ludzkie DNA – włączając lub wyłączając, wzmacniając lub osłabiając sygnały wysyłane z genów. W związku z tym można domniemywać, iż badanie interakcji genom – żywienie stworzyłoby możliwość opracowania zaleceń żywieniowych dla zwierząt tak by zapobiegać powstawaniu wielu zaburzeń bądź sprostać wymaganiom konkretnych konsumentów.

W świetle powyższego określenie współzależności pomiędzy zawartością tłuszczu śródmięśniowego, a poszczególnymi formami polimorficznymi wybranych genów i ich interakcji jest bardzo przydatne do prowadzenia ukierunkowanej selekcji w celu uzyskania postępu hodowlanego, a tym samym do poprawy poziomu tłuszczu śródmięśniowego u zwierząt w chowie masowym, i w konsekwencji poprawy cech sensorycznych wieprzowiny.

#### **4.1.2. Cel badawczy**

Zasadniczymi celami pracy były: analiza źródeł zmienności obejmujących uwarunkowania genetyczne - w tym na poziomie molekularnym - zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięsie wieprzowym oraz analiza zachowań żywieniowych i postaw konsumentów dotyczących spożywania mięsa i jego przetworów, uwzględniająca określenie ważności tłuszczu widocznego jako kryterium wyboru produktów mięsnych.

Praca obejmowała dwa główne zagadnienia badawcze.

W ramach I zagadnienia, które było priorytetowe, dotyczącego analizy zmienności uwzględniającej uwarunkowania genetyczne zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięsie wieprzowym i jego wartości diagnostycznej dla cech jakości mięsa, zostały wyodrębnione następujące cele szczegółowe:

- 1) ustalenie zmienności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus lumborum* (LL) tuczników z uwzględnieniem rasy i płci tuczników;
- 2) oszacowanie oddziaływania wybranych genów na zawartość tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu LL;
- 3) ocena przydatności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu LL do diagnozowania cech i właściwości fizykochemicznych mięsa wieprzowego i jego przydatności technologicznej oraz jakości sensorycznej;

- 4) weryfikacja wyznaczonych i preferowanych w Europie wartości granicznych dla zawartości tłuszczu śródmięśniowego w oparciu o średnie wartości wybranych cech jakości mięsa.

Celem badań, podjętych w II zagadnieniu, była analiza zachowań żywieniowych konsumentów dotyczących spożywania mięsa i jego przetworów oraz określenie ważności tłuszczu widocznego jako determinanty przy wyborze mięsa i wyrobów mięsnych. Cel ten realizowano poprzez zbadanie:

- 1) częstotliwości nabywania oraz konsumpcji mięsa i jego przetworów;
- 2) najczęściej nabywanego rodzaju mięsa przez konsumentów;
- 3) oczekiwań konsumenta względem produktów mięsnych;
- 4) elementów determinujących wybór mięsa świeżego (kulinarnego) i produktów mięsnych;
- 5) stopnia zadowolenia z dostępnych wyrobów mięsnych.

#### **4.1.3. Materiał i metody badawcze**

W zagadnieniu I badaniami objęto łącznie 220 tuczników, wolnych od allelu *RYRI<sup>T</sup>* genu wrażliwości na stres *RYRI*, należących do trzech grup rasowych: landrace (L), landrace x duroc (LxD), (landrace x yorkshire) x duroc [(LxY)xD]. Analizie poddano zwierzęta wyrównane w zakresie MTC i mięsności, celem wyeliminowania oddziaływania tych czynników na zawartość tłuszczu śródmięśniowego i pozostałe cechy jakości mięsa.

#### **Badania dotyczące zagadnienia I przeprowadzono w czterech etapach:**

Etap I – stanowił charakterystykę analizowanych grup rasowych w zakresie cech fizykochemicznych mięsa, jego przydatności technologicznej i jakości sensorycznej oraz obejmował ustalenie zakresu zmienności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus lumborum* z uwzględnieniem grupy rasowej i płci.

Z uwagi na wyrównany materiał w zakresie mięsności i masy tuszy ciepłej (brak istotnych różnic w grupach rasowych oraz współczynnik zmienności < 10 %), nie uwzględniono w dalszej analizie tych dwóch źródeł zmienności.

Etap II – dotyczył oszacowania oddziaływania wybranych genów na zawartość tłuszczu śródmięśniowego w tkance mięśniowej tuczników. W etapie tym wyodrębniono następujące zadania badawcze:

1. ocena zależności między polimorfizmem wybranych genów związanych z lipogenezą, wzrostem i różnicowaniem komórek oraz warunkujących metabolizm tkanki mięśniowej *in vivo* i *post mortem* (*MYOG/Msp I*, *HFABP/Hae III*, *HFABP/Msp I*,

*HFABP/Hinf I, ACSL4/Rsa I, PRLR/Alu I, GH/Msp I, GH/Hae II, GHRH/Alu I, IGF-1R/Sac II, PIT1/Rsa I, DECR1/Bfa I, PKM2, PRKAG3/BsrB I, GLUT4/Hae I, CAST/Hinf I, CAST/Msp I, CAST/Rsa I*) a zawartością tłuszczu śródmięśniowego;

2. ocena interakcji międzygenowych analizowanych genów w zakresie zawartości tłuszczu śródmięśniowego;
3. określenie związku poziomu ekspresji genów *PKM2* i *CAST* z zawartością tłuszczu śródmięśniowego. Geny te kodują enzymy biorące udział w procesie glikolizy (*PKM2*) i proteolizy (*CAST*), a ostateczna jakość mięsa uwarunkowana jest zarówno od poziomu, akumulacji glikogenu w tkance mięśniowej i tempa jego rozkładu po uboju jak i tempa oraz zasięgu przemian proteolitycznych *post mortem*.

Etap III – obejmował ocenę przydatności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *LL* do diagnozowania cech i właściwości fizykochemicznych mięsa wieprzowego i jego przydatności technologicznej oraz jakości sensorycznej poprzez:

- analizę zależności między zawartością tłuszczu śródmięśniowego w tkance mięśnia *LL* a szerokim spektrum cech jakości mięsa;
- analizę skuteczności badanego parametru tj. zawartości tłuszczu śródmięśniowego w diagnozowaniu przydatności technologicznej i jakości sensorycznej mięsa na tle najczęściej stosowanych metod klasyfikujących odchylenia jakościowe wieprzowiny.

Etap IV – dotyczył weryfikacji wyznaczonych i preferowanych w Europie wartości granicznych dla zawartości tłuszczu śródmięśniowego, w oparciu o średnie wartości analizowanych cech jakości mięsa.

Na podstawie, podawanej przez wielu autorów, optymalnej zawartości tłuszczu śródmięśniowego (IMF) w wieprzowinie na poziomie 2 - 3 %, wyodrębniono w zadaniu badawczym tego etapu trzy grupy:

- tusze o zawartości IMF w mięśniu *LL* poniżej 2 %,
- tusze o zawartości IMF w mięśniu *LL* od 2 do 3 %,
- tusze o zawartości IMF w mięśniu *LL* powyżej 3 %.

Jakość mięsa świeżego i schłodzonego oraz jego pożądalność konsumencką i przydatność technologiczną oceniano po uboju zwierząt w tkance mięśnia *Longissimus dorsi* (w części *Longissimus lumborum* - *LL*) i w próbkach mięśnia *LL* pobranych za ostatnim zębem w oparciu o podstawowy skład chemiczny, potencjał glikolityczny, pH<sub>35</sub>, pH<sub>24</sub>, R<sub>1</sub>, EC, jasność barwy mięsa, zdolność utrzymywania wody własnej, wyciek naturalny, wydajność technologiczną mięsa peklowanego w procesie parzenia (TY), siłę cięcia oraz parametry oceny sensorycznej mięsa.

W celu identyfikacji polimorfizmu analizowanych genów próbki krwi do izolacji genomowego DNA pobierano w momencie uboju. Do określenia polimorfizmu badanych genów (za wyjątkiem genu *PKM 2*) wykorzystano technikę PCR-RFLP. Polimorfizm genu *PKM 2* określano natomiast metodą PCR-SSCP. Poziom ekspresji genów *PKM2* i *CAST* określono w tkance mięśnia *Longissimus lumborum* (LL) pobieranej w 30 min. po uboju w ciekły azot, a następnie przechowywanej w temp.  $-80^{\circ}\text{C}$ , wykorzystując technikę Real-Time PCR z zastosowaniem barwnika fluorescencyjnego SYBR Green (Power SYBR Green PCR Master Mix) i urządzenia Applied Biosystem 7500 Real Time PCR System. Jako gen referencyjny stosowano gen  $\beta$ -aktyny.

Uzyskane wyniki opracowano statystycznie z wykorzystaniem programu statystycznego STATISTICA 6.0 PL wykorzystując, w zależności od etapu badań, jednoczynnikową i dwuczynnikową analizę wariancji, analizę korelacji fenotypowych prostych, analizę kanoniczną oraz analizę skupień. Określono również częstość występowania genotypów i alleli analizowanych genów oraz ustalono równowagę genetyczną dla badanych zwierząt, zgodnie z prawem równowagi genetycznej Hardy'ego – Weinberga, przy pomocy testu  $\chi^2$ .

**W ramach drugiego zagadnienia** przeprowadzone zostało badanie ankietowe odnośnie zachowań i postaw konsumentów wobec mięsa i jego przetworów ze szczególnym uwzględnieniem ich opinii odnośnie zawartości tłuszczu widocznego przy wyborze mięsa świeżego, czy w przypadku wyrobów mięsnych. Badania przeprowadzono na terenie Siedlec w 2011 roku w miejscach dystrybucji mięsa i przetworów mięsnych, w mieszkaniach konsumentów i miejscach pracy oraz w uczelni. Grupę 311 respondentów stanowiły osoby, które wyraziły zgodę na udział w badaniu.

Badania przeprowadzono metodą ankietową za pomocą autorskiego kwestionariusza, składającego się z części zawierającej pytania właściwe, zgodne z tematyką oraz z części metrycznej, zawierającej podstawowe pytania socjodemograficzne. Zebrany materiał poddano analizie statystycznej przy pomocy programu statystycznego PASW 18. Do opisu struktury populacji i poszczególnych zmiennych wykorzystano analizę częstości oraz tablice krzyżowe, a do porównywania danych zastosowano test Chi-kwadrat ( $\chi^2$ ) dla jednej próby, którego celem było potwierdzenie zaobserwowanych trendów odpowiedzi jakich udzielali badani. Jako poziom istotności przyjęto prawdopodobieństwo 0,05.

Przy pomocy analizy danych empirycznych dokonano charakterystyki tych konsumentów, którzy wskazali na ilość tłuszczu widocznego (marmurkowatość) jako główny element brany przez nich pod uwagę przy wyborze mięsa kulinarnego. Ponadto dokonano charakterystyki konsumentów, którzy deklarowali świadomy wybór spożywania produktów mięsnych o

obniżonej zawartości tłuszczu. W celu zbadania i określenia siły zależności pomiędzy wybranymi cechami w populacji wykorzystano test Chi-kwadrat ( $\chi^2$ ) oraz współczynnik V-Cramera.

#### 4.1.4. Uzyskane wyniki badań

Przeprowadzone badania, dotyczące priorytetowego zagadnienia, wykazały, że badane tucznieki trzech grup rasowych (n=220) o średniej zawartości mięsa w tuszy 55,84 % i średniej masie tuszy ciepłej 85,85 kg charakteryzowały się niską średnią zawartością tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus lumborum* ( $1,89 \pm 0,73$  %), dużym zakresem zmienności tej cechy – od 0,61 do 5,01 %, przy współczynniku zmienności 38,62 % - oraz wysoką częstością występowania tusz o zawartości IMF poniżej 2 % (blisko 62 %).

Wśród analizowanych grup rasowych tuczników landrace, landrace x yorkshire i (landrace x yorkshire) x duroc najmniejszą zawartością tłuszczu śródmięśniowego odznaczało się mięso grupy landrace (1,48 %), zaś mieszańce trójrasowe z 50 % udziałem rasy duroc, charakteryzowały się istotnie ( $p \leq 0,01$ ) największą zawartością IMF w mięśniu *Longissimus lumborum* (2,28 %). Stwierdzono również, iż 50 % udział po stronie ojcowskiej rasy duroc korzystnie wpływa na poziom tłuszczu śródmięśniowego oraz częstość występowania tusz z mięsem o optymalnej, preferowanej przez konsumenta i przemysł przetwórczy, zawartości tego składnika w zakresie 2–3 %, aczkolwiek przyczynia się do zwiększenia zakresu zmienności IMF w tkance mięśniowej.

Potwierdzono również powszechnie znany pogląd, iż loszki w porównaniu z wieprzkami odznaczały się niższą zawartością tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus lumborum*. Nie stwierdzono natomiast statystycznie istotnego współdziałania pomiędzy badanymi czynnikami tj. grupą rasową a płcią tuczników na będący przedmiotem rozprawy parametr, czyli zawartość tłuszczu śródmięśniowego. Brak interakcji wskazuje, że zmiany zawartości tłuszczu śródmięśniowego w grupach rasowych wykazują jednakowy kierunek niezależny od płci zwierząt.

Analizując frekwencję genotypów i alleli analizowanych genów w poszczególnych grupach rasowych tuczników oraz częstość genotypów oczekiwaną zgodnie z prawem Hardy'ego – Weinberga odnotowano, iż grupa tuczników rasy landrace oraz mieszańców landrace x duroc znajdowała się w stanie równowagi genetycznej w zakresie 12 z 18 analizowanych genów. Najwięcej istotnych odchyień od równowagi genetycznej stwierdzono w grupie mieszańców trójrasowych (L x Y) x D. Grupa ta pozostawała w równowadze genetycznej zgodnie z prawem Hardy'ego – Weinberga jedynie w zakresie genów

*HFABP/Hae III*, *GH/Msp I*, *GHRH/Alu I*, *PIT1/Rsa I*, *DECRI/Bfa I*, *PKM 2*, *GLUT4/Hae I* i *CAST/Msp I*.

Analiza polimorfizmu wybranych genów wykazała istotny statystycznie związek polimorfizmu genów *MYOG/MspI* (L x D), *HFABP/HaeIII* [(LxY)xD], *HFABP/MspI* (landrace), *HFABP/HinfI* (landrace), *ACSL4/RsaI* (landrace), *PRLR/AluI* [(LxY)xD], *GHRH/AluI* (landrace i (L x Y) x D), *DECRI/BfaI* (L x D), *PRKAG3/BsrBI* (landrace), *CAST/HinfI* oraz *CAST/MspI* (landrace) z zawartością tłuszczu śródmięśniowego mięśnia *Longissimus lumborum* tuczników. Warto podkreślić, iż w przypadku genów *PRLR/AluI* oraz *CAST/HinfI* wykazano znaczący ich wpływ na zawartość IMF, bowiem uzyskane efekty tych genów wyrażone udziałem różnicy między średnią wartością skrajnych homozygot, w jednostkach odchylenia standardowego, wynosiły odp. 1 i -1,13 SD. Ponadto uzyskane, w grupie landrace, wyniki dowodzą, iż gen *CAST/Hinf I* kandyduje do miana genu głównego dla tej cechy i mógłby być wykorzystany w pracach selekcyjno – hodowlanych. Propozycję tę w pełni uzasadnia niska, nieakceptowana przez konsumenta zawartość IMF w tej grupie rasowej zwierząt, potwierdzona zarówno w badaniach jak i przez szereg autorów różnych ośrodków w Polsce i na świecie.

Dokonując analizy asocjacji polimorfizmu analizowanych genów z zawartością tłuszczu śródmięśniowego w wyodrębnionych grupach tuczników zróżnicowanych zawartością IMF, stwierdzono istotne oddziaływanie jedynie polimorfizmu genów *HFABP/MspI* ( $p \leq 0,01$ ) oraz *HFABP/HinfI* ( $p \leq 0,05$ ) na badany parametr. Warto podkreślić, iż istotny związek obydwu genów z IMF wykazano tylko w grupie zwierząt o niskiej zawartości tłuszczu – poniżej 2%. Uzyskane wyniki stanowią potwierdzenie przedstawionego wyżej istotnego związku genów *HFABP/MspI* i *HFABP/Hinf I* z będącym przedmiotem badań parametrem w grupie rasowej landrace, charakteryzującej się najniższą średnią zawartością tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *LL*. Otrzymane, w przypadku polimorfizmu genu *HFABP/Msp I*, niezrozumiałe zależności (najwyższa wartość IMF u zwierząt heterozygotycznych) wynikają być może z oddziaływania innego aktywatora (w komórce bowiem aktywne są różne geny) lub ze specyficznego mechanizmu biochemicznego odpowiadającego za zmienność fenotypową tej cechy. Ponadto, oprócz wpływu pojedynczego genu na zawartość tłuszczu śródmięśniowego, należałoby jeszcze uwzględnić otoczenie innych genów oraz proces regulacji ekspresji genu.

Analizując interakcje międzygenowe, na całym materiale badawczym, dla zawartości tłuszczu śródmięśniowego odnotowano istotne współdziałanie par genów: *MYOG/MspI* i *Cast/MspI*, *HFABP/HinfI* i *GH/MspI*, *GH/HaeII* i *CAST/HinfI*, *GH/MspI* i *GLUT4/HaeI*, *IGF-1R/SacII* i *GLUT4/HaeI*, *GHRH/AluI* i *PIT1/RsaI* oraz *DECRI/BfaI* i *PRKAG3/BsrBI* w zakresie tej cechy. Najbardziej korzystne efekty ( $p \leq 0,01$ ) stwierdzono w przypadku

współdziałania genów *MYOG/MspI* i *CAST/MspI*, *GLUT4/HaeI* i *IGF-1R/SacII* oraz *DECRI/BfaI* i *PRKAG3/BsrBI*.

Analiza współdziałania pomiędzy genem *MYOG/Msp I* i *CAST/Msp I* dla zawartości tłuszczu śródmięśniowego wykazała, iż najbardziej korzystny efekt genu *MYOG* stwierdzono w przypadku zwierząt o genotypie *AB* w *locus MYOG/Msp I* i *AA* względem genu *CAST/Msp I*. Tuczniaki o genotypach *ABAA* (*MYOG/Msp I* / *CAST/Msp I*) w stosunku do podwójnych homozygot *BBAA* odznaczały się blisko 0,5 pp. wyższą zawartością IMF, a w stosunku do podwójnych heterozygot *ABAB* – wyższą o ok. 0,6 pp.. Uzyskane, trudne do jednoznacznego wnioskowania wyniki świadczą o konieczności dalszego wyjaśnienia genotypowego efektu współdziałania genów w zakresie zawartości tłuszczu śródmięśniowego oraz mechanizmów odpowiedzialnych za zaburzenia ekspresji tych genów.

W 2010 roku magazyn *Science* opublikował artykuł autorstwa Rappaport i Smith dotyczący tezy, że środowisko, w którym funkcjonują geny ma większe znaczenie od samych genów. Tego samego zdania jest Kamińska – Kaczmarek [2011] prowadząca wraz z zespołem badawczym badania nad transformacjami nowotworowymi komórek ludzkich, która uważa, że zmiany w środowisku chemicznym we wnętrzu komórki oraz jej otoczeniu mogą wpływać na sposób odczytywania informacji genetycznej.

Przeprowadzona analiza współdziałania genu *GLUT4/Hae I* i *IGF-1R/Sac II* w zakresie poziomu IMF wykazała, że homozygoty *BB* genu *GLUT4* były istotnie zróżnicowane przez gen *IGF-1R*, co wyraziło się wyższą o 0,57 i 0,62 pp. zawartością IMF zwierząt o genotypie *BB* w *locus IGF-1R* w stosunku do homozygot *AA* i heterozygot *AB*, które były jednorodne w zakresie tej cechy. Ponadto, gen *GLUT4/Hae I* różnicował istotnie homozygoty *BB* genu *IGF-1R/Sac II*. Stwierdzono bowiem, że tuczniaki o genotypie *AA* w *locus GLUT4/Hae I*, w stosunku do homozygot *BB*, charakteryzowały się o ponad 1 pp. niższą zawartością tłuszczu śródmięśniowego – odp. 1,45 wobec 2,49 %. Uzyskane asocjacje oraz wyniki analizy polimorfizmu pojedynczych genów *GLUT4/Hae I* i *IGF-1R/Sac II* sugerują, że selekcja zwierząt o wysokim poziomie tłuszczu śródmięśniowego w oparciu o analizę interakcji pomiędzy genotypami tych genów może być bardziej wydajna, niż przy pomocy każdego z nich osobno.

Przeprowadzona z kolei analiza współdziałania genu *DECRI/Bfa I* i *PRKAG3/BsrB I* w zakresie omawianego parametru wykazała, że gen *DECRI/Bfa I* różnicował istotnie ( $p \leq 0,01$ ) heterozygoty *AG* genu *PRKAG3/BsrB I*. Stwierdzono, że tuczniaki o genotypie *CG* w *locus DECRI/Bfa I*, w stosunku do homozygot *CC* i *GG*, charakteryzowały się wyższą zawartością IMF w mięśniu *LL* (odp. 2,84, 1,96 i 1,05%). Uzyskana interakcja jest najprawdopodobniej przypadkowa, a niska liczebność zwierząt o genotypach *CCAG* oraz *GGAG* względem genów

*DECRI/Bfa I* i *PRKAG3/BsrB I* (odp.  $n=2$  i  $3$ ) uniemożliwiła przeprowadzenie wnikliwej analizy statystycznej i porównania wyodrębnionych genotypów w zakresie mięsności i cech jakości mięsa.

Przeprowadzona dwuczynnikowa analiza wariancji, dotycząca poziomu ekspresji genów *PKM2* i *CAST* w odniesieniu do grupy rasowej oraz klas zróżnicowanych zawartością tłuszczu śródmięśniowego wykazała istotne ( $p \leq 0,01$ ) statystycznie oddziaływanie obydwu czynników jedynie na poziom ekspresji genu *PKM2*. Nie stwierdzono natomiast oddziaływania zarówno grupy rasowej jak i zawartości IMF na poziom ekspresji genu kalpastatyny (*CAST*). Nie udowodniono również istotnych interakcji obydwu badanych czynników dla poziomu ekspresji genu *PKM2* i *CAST*.

Statystycznie istotnie ( $p \leq 0,01$ ) niższym poziomem ekspresji genu *PKM2* charakteryzowały się tuczniaki landrace w porównaniu z mieszańcami (L x Y) x D (odp. 1,61 i 3,17). Zaobserwowane nasilenie ekspresji w grupie (L x Y) x D dowodzi, iż udział w krzyżowaniu świń rasy duroc po stronie ojcowskiej, o udowodnionej przez wielu autorów wyższej zawartości IMF w mięsie, istotnie modyfikuje poziom ekspresji w odniesieniu do genu *PKM2*.

Analiza poziomu ekspresji genu *PKM2* w wyodrębnionych grupach zróżnicowanych zawartością tłuszczu śródmięśniowego potwierdziła ( $p \leq 0,01$ ), iż wyższa zawartość IMF w mięsie związana jest z nasileniem ekspresji. W grupach tuczników o zawartości tłuszczu śródmięśniowego w zakresie 2–3 % i powyżej 3 %, preferowanego przez współczesnego konsumenta, poziom ekspresji genu *PKM2* był znacząco wyższy niż w grupie zwierząt o zawartości tłuszczu do 2 % (odp. 3,22; 5,69 i 1,79).

Warto podkreślić, iż wykazany związek poziomu ekspresji genu *PKM 2* z zawartością IMF nie znalazł istotnego potwierdzenia we wcześniejszej analizie asocjacji polimorfizmu tego genu z będącym przedmiotem badań parametrem, co można tłumaczyć tym, że ekspresja genów może zachodzić z różną wydajnością w zależności od środowiska i warunków. Georges [2011] powołując się na wyniki badań innych autorów podaje, że może wystąpić silna ekspresja danego genu niezależna od genotypu tego genu. Autor sugeruje istnienie raczej regulacyjnych aniżeli strukturalnych wariantów przyczynowych i wskazuje, że droga od zależności do związku przyczynowego jest długa i kręta.

Ponadto, jak podaje Kamińska – Kaczmarek [2011] regulacja ekspresji genów polega na złożonych oddziaływaniach między czynnikami transkrypcyjnymi i odpowiednimi sekwencjami w genomie, a poznanie mechanizmów regulacji ekspresji genów stanowi obecnie jeden z najbardziej interesujących obszarów biologii.



Kolejnym zadaniem w pracy, dotyczącym zagadnienia I, była ocena przydatności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *LL* do diagnozowania jakości mięsa wieprzowego.

Stwierdzono, że zawartość tłuszczu śródmięśniowego tuczników jest istotnie związana z zawartością białka, wody i suchej masy, wartością potencjału glikolitycznego i  $pH_{24}$ , wskaźnikiem przemian energetycznych  $R_1$ , wyciekami naturalnymi, wydajnością mięsa peklowanego w parzeniu (TY), siłą cięcia oraz kruchością i zapachem mięsa. Zasadność analizy zawartości IMF w odniesieniu do badanych cech potwierdziły wykazane zależności na podstawie oceny struktury dendrogramu, wykorzystując analizę skupień.

Z punktu widzenia przydatności kulinarnej i technologicznej mięsa uwagę zwracają odnotowane istotne korelacje między zawartością IMF a wyciekami naturalnymi z tkanki mięśnia *LL* ( $r = -0,24^{**}$ ,  $b_{xy} = -0,88$ ). Wzrost zawartości IMF w mięsie świń o 1 % powoduje obniżenie wielkości wycieku naturalnego tkanki mięśniowej o 0,88 punktu procentowego. Uzyskane wyniki świadczą o możliwości diagnozowania wielkości wycieku soku z tkanki mięśniowej, dokonując pomiaru zawartości tłuszczu śródmięśniowego *in vivo* przy pomocy techniki USG bądź w bardzo krótkim czasie po uboju wykorzystując do oznaczenia IMF metody szybkie „*on-line*” takie jak spektroskopia w bliskiej podczerwieni (NIR), komputerowa analiza obrazu, ultradźwięki czy tomografia komputerowa. Ma to istotne znaczenie zarówno dla przetwórców mięsa jak i konsumentów, bowiem mięso o nasilonym wyciekami naturalnymi słabo wiąże tzw. wodę dodaną, a uzyskane z niego produkty mają niską akceptowalność konsumencką, wynikającą z obecności w opakowaniach soku mięśniowego [Huff-Lonergan i Lonergan 2007].

Udowodniono, że mięso o niskiej zawartości tłuszczu śródmięśniowego poniżej 2 % charakteryzuje się istotnie większą zawartością wody, niższą zawartością suchej masy, większą kwasowością w 24 h od uboju, szybszym tempem przemian energetycznych ( $R_1$ ), większym wyciekami soku z tkanki mięśniowej, niższą wydajnością w peklowaniu i parzeniu oraz wymaga użycia większej siły cięcia. Stwierdzone niekorzystne właściwości mięsa o niskim poziomie tłuszczu śródmięśniowego znalazły odzwierciedlenie w niższej ocenie smakowitości mięsa gotowanego.

W celu oszacowania, w jakim stopniu zawartość tłuszczu śródmięśniowego może wyjaśniać zmienność zespołu cech jakości mięsa *post mortem* posłużono się analizą kanoniczną. Dzięki zastosowaniu analizy kanonicznej, która umożliwia szacowanie zależności pomiędzy zbiorami cech, możliwa była analiza łącznego i jednoczesnego oddziaływania zawartości tłuszczu śródmięśniowego z innymi szybko mierzalnymi „*on line*”

parametrami klasyfikującymi odchylenia jakościowe wieprzowiny na jakość mięsa kulinarnego i jego przydatność przetwórczą oraz jakość sensoryczną.

Uzyskany istotny (przy  $p \leq 0,01$ ) złożony współczynnik determinacji  $R_c^2 = 0,79$  wskazuje, iż IMF oraz  $pH_{24}$  w 79 % determinują obserwowaną zmienność cech jakości mięsa. Wykorzystując do oceny jakości mięsa jedynie pomiar  $pH_{24}$  ogólną zmienność w cechach jakości mięsa można by wyjaśnić zaledwie w 49 %. Ponadto, otrzymane wysokie wartości współczynnika korelacji kanonicznej ( $C_R = 0,86^{**}$ ) oraz złożonego współczynnika determinacji ( $R_c^2 = 0,74$ ) między zbiorem obejmującym IMF i  $pH_{35}$ , a zbiorem zawierającym szerokie spektrum cech jakości mięsa, dowodzą o możliwości diagnozowania odchyłeń jakościowych mięsa do 45 min *post mortem*, a więc w bardzo krótkim czasie od uboju.

Przeprowadzona, w drugim zagadnieniu, analiza zachowań konsumentów wykazała, że najczęściej nabywanymi rodzajami mięsa, spośród pięciu gatunków mięs, w badanej grupie respondentów było mięso drobiowe (61,5 %) i wieprzowe (33,3 %). Blisko połowa badanych zadeklarowała, iż spożywa mięso 3-4 razy w tygodniu. W opinii ankietowanych do najistotniejszych czynników decydujących o wyborze mięsa wieprzowego należały: barwa (25 % wskazań), świeżość i zapach (blisko 21 %) oraz ilość widocznego tłuszczu (ok. 17 %) i cena (15 %). Świadczy to, iż ponad połowa badanych respondentów przy wyborze mięsa kulinarnego kieruje się elementami związanymi z jego jakością.

Ponadto, stwierdzone duże zainteresowanie konsumentów (blisko 60 % wskazań) spożyciem produktów mięsnych o obniżonej zawartości tłuszczu, a więc żywności wykazującej korzystny wpływ na zdrowie, wynika najprawdopodobniej z faktu, iż konsumenci troszczą się o zdrowie oraz z korzyści wynikających z jej spożywania.

Analiza statystyczna przy użyciu współczynnika V-Cramera wykazała, iż zainteresowanie ilością tłuszczu widocznego przy wyborze mięsa świeżego oraz częstotliwość spożywania produktów odtłuszczonych jest statystycznie zależne od płci, wieku, wykształcenia i statusu zatrudnienia respondentów, natomiast zupełnie niezależne od miejsca zamieszkania respondentów. Kobiety wykazywały zarówno większe zainteresowanie stopniem marmurkowatości przy wyborze mięsa świeżego jak i częściej dokonywały zakupu mięsnych produktów o obniżonej zawartości tłuszczu. Ponadto, z przeprowadzonego badania wynika, że zainteresowanie ilością tłuszczu widocznego i częstotliwość spożywania produktów odtłuszczonych były najwyższe u osób młodszych (poniżej 25 roku życia), z wykształceniem średnim i wyższym posiadających status studenta lub pracownika.

#### 4.1.5. Podsumowanie uzyskanych wyników badań

1. Otrzymane wyniki jednoznacznie wskazują na silniejsze, korzystne powiązanie zawartości tłuszczu śródmięśniowego z cechami jakości mięsa wśród zwierząt grupy rasowej landrace, charakteryzującej się niskim otluszczeniem śródmięśniowym oraz wysokimi zasobami glikolitycznymi wyrażonymi wartością potencjału glikolitycznego a w efekcie wysokim wyciekami naturalnym.
2. Spośród analizowanych trzech grup rasowych tuczników pochodzenia duńskiego hodowanych w Polsce [L, L x D, (L x Y) x D], preferowanymi w produkcji towarowej tuczników wysokomięśnych, powinny być mieszańce trójrasowe z 50 % udziałem genów rasy duroc, których mięso odznacza się optymalnym poziomem tłuszczu śródmięśniowego (2,28 %), wysoką zawartością białka (22,53 %), najniższą zawartością glikogenu (44,84  $\mu\text{mol/g}$ ) i wartością potencjału glikolitycznego (129,87  $\mu\text{mol/g}$ ), wolniejszym tempem przemian energetycznych ( $R_1 = 0,85$ ), najmniejszym zakwaszeniem tkanki mięśniowej w 24h *post mortem* (5,70), najniższą wartością przewodności elektrycznej (2,57 mS/cm) oraz najmniejszym wyciekami soku z tkanki mięśniowej (5,46 %). Mięso tych mieszańców wymaga również użycia mniejszej siły cięcia (34,12 N/cm<sup>2</sup>) i charakteryzuje się wysoką atrakcyjnością sensoryczną wyrażoną soczystością (7,35 j.u.) i kruchością (7,25 j.u.) ocenioną w 144 h od uboju.
3. Genem kandydującym do miana genu głównego dla IMF może być gen *PRLR/AluI* z uwagi na stwierdzony, w finalnej grupie tuczników (landrace x yorkshire) x duroc, wysoki udział różnicy między średnią zawartością tłuszczu śródmięśniowego homozygot AA a BB tego genu w wartości odchylenia standardowego od średniej (1,0 SD). Zachowanie akceptowalnej przez konsumenta jakości mięsa tuczników wysokomięśnych jest możliwe dzięki doborowi w krzyżowaniu osobników o preferowanym genotypie AA w *locus PRLR/AluI*.
4. Stwierdzony z kolei wśród tuczników czystej rasy landrace efekt genu *CAST/HinfI*, dla zawartości IMF, wyrażony udziałem różnicy między średnią wartością skrajnych homozygot, w jednostkach odchylenia standardowego na poziomie 1,13 SD świadczy o znaczącym wpływie tego genu na otluszczenie śródmięśniowe tuczników o niskim poziomie tej cechy i również kandyduje do miana genu głównego dla zawartości IMF. Dowodzi to również na możliwość ukierunkowania prac selekcyjno – hodowlanych w rasie landrace na podniesienie poziomu tłuszczu śródmięśniowego poprzez preferowanie osobników o genotypie BB genu *CAST/HinfI*.

5. Przeprowadzona analiza współdziałania badanych genów, na poziomie statystycznie wysokoistotnym ( $p \leq 0,01$ ), w zakresie zawartości tłuszczu śródmięśniowego wykazała najbardziej korzystne efekty dla zwierząt o genotypach:
  - *AB* w locus *MYOG/MspI* i *AA* w locus *CAST/MspI*,
  - *BB* (*GLUT4/HaeI*) i *BB* (*IGF-1R/SacII*),
  - *CG* (*DECRI/BfaI*) i *AG* (*PRKAG3/BsrBI*).
6. Poziom ekspresji genu *PKM2*, warunkującego intensywność przemian glikolitycznych tkanki mięśniowej, uzależniony jest od grupy rasowej oraz stanowi o zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięśniu *Longissimus lumborum* tuczników, na co wskazuje stwierdzony blisko dwukrotnie wyższy poziom ekspresji tego genu wśród tuczników (L x Y) x D, o udowodnionej wyższej zawartości IMF, w porównaniu z grupą landrace oraz znacząco wyższy poziom ekspresji w grupach tuczników o zawartości IMF w zakresie 2 – 3 % i powyżej 3 % w porównaniu do grupy tuczników z mięsem o IMF poniżej 2%. Zjawisko to znalazło potwierdzenie w uzyskanej wysokiej zależności zawartości tłuszczu śródmięśniowego od poziomu ekspresji badanego genu –  $r = 0,64^{**}$ .
7. Przedstawione interesujące dane dotyczące asocjacji genetycznych w kształtowaniu zawartości tłuszczu śródmięśniowego oraz fakt, iż niewielu naukowców podjęło się sprawdzenia tych zależności, wskazują na konieczność dalszych badań w zakresie genotypowego efektu współdziałania genów oraz wyjaśnienia ich mechanizmu wykorzystując nowe rozwiązania w zakresie: genomiki funkcjonalnej, proteogenomiki, epigenomiki czy bioinformatyki. Można oczekiwać, że badania polimorfizmów innych genów, interakcji między genami oraz między genami i czynnikami środowiskowymi, doprowadzą do wyjaśnienia zmienności zawartości tłuszczu śródmięśniowego w tkance mięśniowej tuczników.
8. Uzyskane, na podstawie badań, rezultaty świadczą również o możliwości szybkiego diagnozowania zarówno cech jakościowych mięsa charakteryzujących intensywność przemian glikolitycznych do 45 min. *post mortem*, jak i cech świadczących o jego jakości technologicznej, kulinarnej i sensorycznej, dokonując pomiaru zawartości tłuszczu śródmięśniowego *in vivo* bądź w krótkim czasie po uboju. IMF oraz  $pH_{24}$  w 79 % determinują obserwowaną zmienność cech jakości mięsa. Pomiar zawartości IMF może również stanowić cenną wskazówkę w sposobie zagospodarowania mięsa w przemyśle.
9. Wskazywane, w przeprowadzonych badaniach ankietowych, przez respondentów za najczęściej spożywane przez nich mięso drobiowe, pomimo stwierdzanego na terenie całego kraju największego udziału - w ogólnym spożyciu mięsa - wieprzowiny, jest najprawdopodobniej wynikiem takich czynników jak: odnotowywany, powolny lecz

systematyczny wzrost konsumpcji drobiu, konkurencyjne ceny mięsa drobiowego, wysoka stopa bezrobocia oraz zmiana preferencji konsumentów.

10. Duże zainteresowanie respondentów (blisko 60 % wskazań) spożyciem produktów o obniżonej zawartości tłuszczu, a więc żywności wykazującej korzystny wpływ na zdrowie, świadczy z jednej strony o wzroście zainteresowania zdrowiem oraz o korzyściach wynikających ze spożywania takiej żywności, a z drugiej strony potwierdziło deklaracje respondentów odnośnie czynników decydujących o wyborze mięsa kulinarnego, którzy wskazali, że tzw. „marmurkowatość” mięsa ma duże znaczenie podczas jego zakupu (blisko 17 % wskazań). Na podstawie przeprowadzonej charakterystyki tych konsumentów można domniemywać, iż osoby te raczej preferują mięso o mniejszej marmurkowatości, bowiem grupę tą stanowiły przede wszystkim młode kobiety, dokonujące zakupu i spożywające produkty mięsne o niższej zawartości tłuszczu, głównie mięso drobiowe.

## **5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych**

W latach 1990 – 1994 uczęszczałam do II Liceum Ogólnokształcącego im. Królowej Jadwigi w Siedlcach. W 1994 roku po zdaniu egzaminów wstępnych zostałam przyjęta na studia na Wydziale Technologii Żywności i Żywienia Człowieka SGGW w Warszawie. W 1999 roku obroniłam pracę magisterską przygotowaną w Katedrze Technologii Mięsa uzyskując tytuł magistra inżyniera technologii żywności o specjalności technologia mięsa.

Po ukończeniu studiów wróciłam do rodzinnego miasta i z dniem 01.03.2000 r. podjęłam pracę w Akademii Podlaskiej (aktualnie Uniwersytet Przyrodniczo - Humanistyczny) w Katedrze Hodowli Trzody Chlewnej (aktualnie Katedra Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa), w charakterze pracownika inżynierijno-technicznego. Z dniem 1 lutego 2001 roku zostałam zatrudniona na stanowisku asystenta w Katedrze Hodowli Trzody Chlewnej. Dnia 22 września 2006 roku przed Komisją Wydziału Rolniczego Akademii Podlaskiej obroniłam z wyróżnieniem dysertację doktorską nt: *„Przydatność przewodności elektrycznej w diagnozowaniu jakości mięsa wieprzowego”*, wykonaną pod kierunkiem Prof. zw. dr hab. Marii Koćwin – Podsiadłej. W dniu 4 października 2006 roku Rada Wydziału Rolniczego nadała mi stopień Doktora Nauk Rolniczych w dyscyplinie Zootechnika.

Od 1 marca 2007 roku jestem zatrudniona jako adiunkt (do 28 lutego 2011 roku w Katedrze Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa, w okresie 01.03.2011 – 30.09.2013 w Międzywydziałowym Studium Dietetyki, a od 01.10.2013, w związku z reorganizacją Wydziału w Katedrze Dietetyki i Oceny Żywności).

Działalność naukowo – badawczą rozpoczęłam w 2000 roku, będąc pracownikiem inżyniersko – technicznym, włączając się w realizację prowadzonych przez zespół Katedry Hodowli Trzody Chlewnej badań statutowych i własnych dotyczących uwarunkowań jakości surowca wieprzowego. Pragnę podkreślić, iż cały mój rozwój naukowy odbywa się pod kierunkiem Pani Prof. zw. dr hab. Marii Koćwin – Podsiadłej – Kierownika Katedry Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa. Moje zainteresowania naukowe skupiają się głównie na uwarunkowaniach, możliwości diagnozowania i doskonalenia jakości oraz przydatności technologicznej i kulinarnej mięsa wieprzowego. Z uwagi na szeroki zakres tematyki badań oraz kompleksowość i różnorodność metod badawczych większość prac naukowo-badawczych realizowałam w zespołach badawczych.

Praca w zespole Pani Prof. Marii Koćwin – Podsiadłej zaowocowała podjęciem przeze mnie kilku kierunków badawczych, które dotyczyły:

1. Oceny stanu jakościowego surowca wieprzowego pogłowia masowego z rejonu środkowo-wschodniej Polski;
2. Analizy genetycznych i środowiskowych uwarunkowań jakości surowca i mięsa wieprzowego
3. Metod diagnozowania jakości wieprzowiny (bezpośrednich i na poziomie molekularnym).

Celem prowadzonych przeze mnie **badania dotyczących pierwszego zagadnienia tj. oceny stanu jakościowego tuczników pogłowia masowego, w rejonie środkowo-wschodniej Polski**, była analiza stanu jakościowego surowca wieprzowego w zakresie wartości rzeźnej, stopnia umięśnienia i otłuszczenia tusz w badanym rejonie na tle krajowej populacji masowej oraz charakterystyka jakości mięsa tuczników i ocena częstości występowania mięsa wadliwego (**II.D.2.1.2, II.D.2.1.3, II.D.2.1.10, II.D.2.1.11, II.D.2.1.14, II.D.2.1.15, II.D.2.1.16, II.D.2.1.17, II.D.2.1.28, II.D.2.1.30, II.D.2.3.1, II.D.2.3.2, II.D.2.4.1, II.D.2.4.27, II.D.2.4.28, II.D.2.5.2**).

Potrzeba prowadzenia tych badań wynikała z odnotowywanych przez przemysł mięsny znacznych strat związanych z występowaniem odchyleń jakościowych mięsa pochodzącego od zwierząt o wysokiej mięsności oraz z faktu, iż technologiczne możliwości kształtowania wysokiej końcowej jakości produktu są w decydującym stopniu uzależnione od właściwości użytego do jego produkcji surowca. Uzyskane rezultaty wskazały, iż znaczne zwiększenie mięsności u tuczników prowadzi do pogorszenia jakości mięsa obniżając jego przydatność technologiczną i pożądalność konsumencką, wyrażoną jaśniejszą barwą, nadmiernym wyciekami soku mięśniowego oraz obniżoną zdolnością utrzymywania wody własnej.

Ponadto w prowadzonych przeze mnie badaniach nad analizą zależności między masą tuszy ciepłej a mięsnością tusz tuczników pogłowia masowego stwierdzono, że optymalną

masą tuszy ciepłej tuczników, gwarantującą uzyskanie najlepszego efektu ekonomicznego zarówno przez producenta świń, jak i zakłady mięsne, jest masa tuszy ciepłej w zakresie 80-90 kg, co stanowiło uzasadnienie merytoryczne przyjętego w niektórych ubojniach systemu rozliczeń z producentami żywca wieprzowego, polegającego na premiowaniu mięsności tusz z uwzględnieniem masy tuszy ciepłej (II.D.2.1.27).

Równocześnie brałam aktywny udział w pracach nad opracowaniem metody referencyjnej szacowania procentowej zawartości mięsa w tuszach wieprzowych opartej jedynie na liniowych pomiarach tuszy i pomiarach umięśnienia szynki celem wykorzystania jej do testowania urządzeń klasyfikacyjnych tusz wieprzowych na linii ubojowej w zakładach mięsnych. Ocena dokładności i przydatności opracowanych równań regresji była możliwa na podstawie porównania wyników mięsności uzyskanych na podstawie metody referencyjnej z mięsnością oszacowaną na podstawie dysekcji. Wśród zaproponowanych metod najdokładniejszą, zgodnie z wymogami Unii Europejskiej, okazała się metoda referencyjna kombinowana uwzględniająca siedem pomiarów liniowych i umięśnienie szynki wyrażone masą szynki zadniej bez słoniny i skóry (II.D.2.1.4, II.D.2.5.1).

**Drugim zagadnieniem mojej pracy badawczej była analiza genetycznych i środowiskowych uwarunkowań jakości surowca i mięsa wieprzowego.** Badania te prowadzono z uwzględnieniem takich czynników jak: rasa, wariant krzyżowania, mięsność i masa tusz, efekt polimorfizmu i ekspresji genów głównych i tzw. genów kandydujących. Część badań stanowiły również interakcje międzygenowe, czynniki środowiskowe i postępowanie poubojowe z tuszami.

Przesłanką do podjęcia poszukiwań genetycznych i środowiskowych uwarunkowań jakości mięsa wieprzowego były wyniki analizy stanu jakościowego tuczników pogłowa masowego świadczące o występowaniu mięsa o obniżonej jakości - w wyniku doskonalenia świń w kierunku zwiększania mięsności i wprowadzenia wybitnie mięsnej rasy pietrain, obciążonej genem wrażliwości na stres (*RYRI<sup>T</sup>*). Ponadto, odnotowywane duże spożycie wieprzowiny w Polsce, Europie i USA oraz wzrastająca świadomość żywieniowa konsumentów również przyczyniły się do wzmożenia badań przez światowe ośrodki naukowe w zakresie poszukiwania czynników kształtujących jakość mięsa.

Jednym z istotnych czynników genetycznych wpływających na właściwości technologiczne, przetwórcze oraz sensoryczne mięsa jest rasa zwierząt bądź wariant krzyżowania. W badaniach zespołu naukowego, w pracach którego aktywnie uczestniczyłam, dokonano oceny jakości tusz oraz przydatności technologicznej i kulinarnej mięsa tuczników ras czystych (landrace, duroc), grup rasowych pochodzących z różnych wariantów krzyżowania towarowego z wykorzystaniem zarówno knurów ras i linii z krajowej hodowli

zarodowej (pbz, wbp, pietrain, hampshire, duroc, linia 990) jak i ras importowanych z Danii (landrace, duroc, yorkshire) (**II.A.1.4, II.D.2.1.5, II.D.2.1.8, II.D.2.1.12, II.D.2.1.18, II.D.2.1.19, II.D.2.1.20, II.D.2.1.29, II.D.2.4.2, II.D.2.4.7, II.D.2.4.8, II.D.2.4.29**). Na podstawie uzyskanych rezultatów stwierdzono, że w celu poprawy jakości mięsa należałoby zaniechać w produkcji wykorzystania świń rasy pietrain i hampshire oraz linii powstałych z ich udziałem, z uwagi na obciążenie tych zwierząt odp. genem wrażliwości na stres *RYRI<sup>T</sup>* (odpowiedzialnym za powstawanie mięsa typu *PSE*) i genem mięsa kwaśnego *RN* (**II.A.1.5, II.A.2.5, II.D.1.1, II.D.2.1.6, II.D.2.1.13, II.D.2.4.9, II.D.2.4.10, II.D.2.4.11**). Ze względu z kolei na odnotowywaną wysoką jakość kulinarną i sensoryczną oraz przydatność technologiczną mięsa świń rasy duroc i mieszańców z udziałem tej rasy racjonalne jest wykorzystanie w krzyżowaniu świń rasy duroc, a w szczególności nosicieli genu zawartości tłuszczu śródmięśniowego (*HFABP*) (**II.A.1.3, II.A.2.2, II.A.2.7, II.A.2.9, II.D.2.1.9, II.D.2.1.24, II.D.2.1.25**).

W ramach tego kierunku badań podjęłam się również analizy oddziaływania innych czynników genetycznych celem wyjaśnienia obserwowanej wysokiej zmienności w jakości wieprzowiny. Uzyskane we wcześniejszych badaniach, na materiale tuczników pogłowia masowego, ujemne zależności między stopniem umięśnienia a cechami jakości mięsa zostały potwierdzone w przeprowadzonych badaniach na zwierzętach różnych grup rasowych zarówno obciążonych jak i wolnych od genu wrażliwości na stres *RYRI<sup>T</sup>* - uznawanego za gen mięsności (**II.A.1.1, II.A.1.6, II.D.2.1.1, II.D.2.1.26**). Stwierdzono, że bilans korzyści wynikający z obecności genu *RYRI<sup>T</sup>* w genotypie zwierząt w zakresie umięśnienia i zawartości mięsa w tuszy, na tle uzyskiwanego negatywnego efektu dla cech jakości mięsa i jego przydatności kulinarnej i technologicznej jest ujemny, w związku z czym istnieje konieczność ograniczenia występowania w krzyżowaniu ras świń obciążonych tym genem.

O zmienności w jakości wieprzowiny decydują głównie intensywność i zasięg przemian glikolitycznych i proteolitycznych zachodzących *post mortem*. Znajomość szlaków metabolicznych dotyczących rozwoju i fizjologii tkanki mięśniowej *in vivo* oraz przemian metabolicznych zachodzących *post mortem* w okresie dojrzewania mięsa może sugerować, które geny należałoby badać pod kątem ich oddziaływania na te cechy. W związku z powyższym, wraz z zespołem badawczym, podjęłam się próby ustalenia i wyjaśnienia podłoża genetycznego, na poziomie polimorfizmu genów odpowiadających za profil przemian metabolicznych, dla cech mięsności, jakości kulinarnej i sensorycznej oraz przydatności technologicznej mięsa wieprzowego. Badania te stanowiły część analiz realizowanych w ramach projektu badawczego Nr PBZ-KBN-036/P06/2000/04 nt. „*Wpływ form polimorficznych wybranych genów w kształtowaniu mięsności oraz właściwości*



fizykochemicznych i funkcjonalnych tkanki mięśniowej tuczników”, w którym byłam wykonawcą.

W trakcie realizacji tych badań odbyłam, krótkoterminowe staże naukowe (łącznie 2 miesiące) w Zakładzie Immunogenetyki Zwierząt Instytutu Genetyki i Hodowli Zwierząt PAN w Jastrzębcu, gdzie pod kierunkiem Pani Profesor Jolanty Kurył doskonaliłam swój warsztat badawczy pod względem wykorzystania techniki PCR/RFLP i innych technik badawczych z zakresu genetyki molekularnej do identyfikacji genów warunkujących cechy użytkowe świń. Ponadto uczestniczyłam w szkoleniu „Metody izolacji DNA oraz polimorfizm STR w genotypowaniu” organizowanym przez SGGW w Warszawie.

W szeregu opublikowanych prac z tego zakresu wykazano istotny związek polimorfizmu genów odpowiedzialnych za rozwój tkanki mięśniowej oraz genów biorących udział w przemianach glikolitycznych i proteolitycznych z cechami charakteryzującymi jakość tuszy i mięsa wieprzowego oraz z jego przydatnością technologiczną i kulinarną:

- Wykazano istotny związek genu kalpastatyny *CAST* z wartością cech zarówno mięsności jak i jakości mięsa. Genotyp *AA* genu *CAST* w przypadku mutacji identyfikowanych endonukleazami *Hinf* I i *Msp* I (w przypadku mutacji identyfikowanej endonukleazą *Rsa* I preferowany jest genotyp *BB*) pozytywnie oddziałuje na skład morfologiczny tuszy wyrażony masą najcenniejszych wyrębów podstawowych (połędwica i połędwica bez słoniny i skóry) i grubość słoniny, jak też na podstawowe cechy intensywności przemian glikolitycznych w całym okresie dojrzewania mięsa: potencjał glikolityczny i zawartość glikogenu (*CAST/Hinf* I), zawartość kwasu mlekowego i  $EC_{24}$  (*CAST/Msp*I) oraz zasoby energetyczne (IMP/ATP), zawartość białka oraz wydajność technologiczną w procesach peklowania i parzenia (*CAST/Rsa* I) (**II.A.1.2, II.A.1.7, II.A.2.4, II.D.4.3, II.D.4.4**).
- Stwierdzono istotne współdziałanie fenotypu *RN* z genotypem *CAST/Msp* I dla wielkości wycieku naturalnego w tkance mięśniowej w 144 h *post mortem*, co ma istotne znaczenie dla konsumenta bowiem w tym okresie mięso kulinarne znajduje się w sprzedaży detalicznej (**II.A.2.6, II.D.2.2.1**).
- Wśród szeregu analizowanych asocjacji polimorfizmu genów z cechami jakości tuszy i mięsa, stwierdzono istotny związek polimorfizmu genu *HFABP* dla grubości słoniny na I krzyżu i masy mięśnia *LD* (w przypadku *locus HFABP/Hae* III); grubości słoniny i zawartości mięsa w tuszy (*locus HFABP/Msp* I i *HFABP/Hinf* I) oraz masy karkówki i powierzchni oka połędwicy (*locus HFABP/Msp* I) (**II.A.2.1, II.A.2.8**). Ponadto, w grupach rasowych bez udziału rasy *duroc* wykazano związek polimorfizmu genu *HFABP* z zawartością wody, białka wydajnością mięsa peklowanego w parzeniu (TY) (w przypadku

polimorfizmu identyfikowanego endonukleazą *Hae* III) oraz ze wskaźnikiem przemian energetycznych  $R_1$ ,  $EC_2$ , jasnością barwy mięsa i wyciekami naturalnymi (*HFABP/Msp* I). Grupy rasowe powstałe natomiast z udziałem rasy duroc są nosicielami genu kontrolującego zawartość tłuszczu śródmięśniowego – genotyp *dd* w locus *HFABP* identyfikowanym endonukleazą *Hae* III (**II.A.2.2, II.A.2.7, II.A.2.9**).

- Wykazano istotne oddziaływanie genu *PRKAG 3* na grubość słoniny, masę szynki zadniej i polędwicy (**II.A.2.10, II.A.2.11**). Ponadto, stwierdzono brak związku polimorfizmu genu *PRKAG3* – ogłoszonego w 2000 roku przez Milan i wsp. jako gen mięsa kwaśnego *RN*- z fenotypem *RN*. Uzyskane, na 5 grupach rasowych tuczników, rezultaty wskazują na konieczność prowadzenia badań na większej populacji zwierząt różnych ras oraz poszukiwania innych genów warunkujących poziom glikogenu w tkance mięśniowej i powstawanie mięsa kwaśnego (**II.D.2.2.5**).
- Odnotowano istotny związek polimorfizmu genu *ACSL 4* (obok genu *HFABP*) z zawartością tłuszczu śródmięśniowego wskazując, iż w zakresie tego parametru preferowane są osobniki o genotypie *GG* (**II.A.2.19**).

Uczestnicząc w pracach zespołu badawczego kierowanego przez Panią Prof. Koćwin – Podsiadłą brałam także udział w analizie interakcji międzygenowych dla cech jakości tuszy i mięsa. Dokonując analizy interakcji genów *GLUT 4* i *PKM 2*, a więc genów z początkowego i końcowego etapu w szlaku przemian glikolitycznych, stwierdzono ich współdziałanie dla cech użytkowości rzeźnej, wskazując, że osobniki o genotypie *TT/BB* odpowiednio w locus *PKM 2* i *GLUT 4* odznaczają się o 2,55 % większą zawartością mięsa w tuszy oraz mniejszą (o 0,28 cm) średnią grubości słoniny niż osobniki o genotypie *TT/AA* (**II.D.2.2.3**). Ponadto gen *GLUT4* w interakcji z genem *PKM 2* różnicuje wartość potencjału glikolitycznego wśród tuczników będących homozygotami *TT* genu *PKM 2*. Wykazano także istnienie, w obrębie zwierząt o genotypie *TT* w locus *PKM 2*, dwóch grup o jednakowej, wysokiej wartości potencjału glikolitycznego (odp. genotyp *AA* i *BB* w locus *GLUT 4*), lecz istotnie zróżnicowanych zawartością tłuszczu śródmięśniowego,  $pH_{45}$ ,  $pH_{24}$ ,  $pH_{144}$ , wyciekami naturalnymi z tkanki mięśniowej w 96 godz. *post mortem* oraz wskaźnikiem TY na korzyść osobników o genotypie *BB* w locus *GLUT 4*. Uzyskane rezultaty zainicjowały prowadzenie dalszych badań dotyczących ekspresji genu *PKM 2*.

Stwierdzona z kolei istotna interakcja genów miogeniny *MYOG* i kalpastatyny *CAST/Rsa I* dla masy polędwicy może być wykorzystana w pracach selekcyjnych ukierunkowanych na zwiększenie udziału w tuszy masy polędwicy (genotyp *BB* względem loci *MYOG* i *CAST/Rsa I*) (**II.A.2.15**).

Mój wkład w badania dotyczące omawianego zagadnienia polegał na analizie polimorfizmu badanych genów oraz interpretacji i analizie merytorycznej związku polimorfizmu tych genów z cechami jakości i przydatności technologicznej mięsa tuczników i efektu ich interakcji.

Część moich badań realizowałam również w ramach projektu badawczego Nr PBZ-KBN-113/06/2005/14 nt.: „*Polimorfizm i ekspresja genów odpowiadających za profil przemian glikolitycznych oraz genu kalpastatyny jako endogennego inhibitora systemu proteaz u tuczników zróżnicowanych jakością mięsa*” gdzie byłam wykonawcą. W badaniach tych podjęliśmy próbę analizy zależności między polimorfizmem oraz poziomem ekspresji genów *PKM 2* i *CAST* a jakością i przydatnością technologiczną mięsa tuczników. W tym celu ukończyłam kurs z zakresu technik Real Time PCR i ich zastosowań organizowany przez firmę DNA-Gdańsk przy współpracy Politechniki Gdańskiej, doskonaląc swój warsztat badawczy w zakresie ilościowego i jakościowego oznaczania DNA i mRNA z tkanki mięśniowej świń. Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono, że polimorfizm genu *PKM 2* u tuczników związany jest z zawartością chudych wyrębów oraz z zawartością mięsa w tuszy i grubością słoniny. Ponadto udowodniono, że genotyp *CC* w porównaniu do *CT* i *TT* genu *PKM 2* warunkuje istotnie niższą zawartość glikogenu, kwasu mlekowego i wartość wskaźnika przemian energetycznych w 45 min *post mortem* oraz wyższą wartość pH<sub>24</sub> i mniejszy wyciek naturalny w okresie przechowywania mięsa w okresie 24-96 i 24-144 godz. **(II.A.2.17)**. Stwierdzono także istotne współdziałanie pomiędzy genem *PKM 2* a grupą genetyczną dla potencjału glikolitycznego oraz zawartości glikogenu. Udowodnione statystycznie współdziałanie pomiędzy genem *PKM 2* a grupą rasową dla potencjału glikolitycznego oraz zawartości glikogenu wyraźnie wskazuje, że związek polimorfizmu omawianego genu dotyczy głównie świń landrace. Dodatkowym, i bardzo istotnym z punktu widzenia poznawczego, jest odnotowana w tej grupie zwierząt wysoka, blisko 89 % zgodność genotypu genu *PKM 2* z fenotypem *RN* **(II.D.2.1.22)**. Ponadto wykazano, że poziom ekspresji genów *PKM 2* i *CAST* nie wyjaśnia związku z klasami jakości mięsa zróżnicowanymi potencjałem glikolitycznym i wyciekami naturalnymi, niezależnie od grupy rasowej jak i w jej obrębie **(II.A.2.18)**. Analizując natomiast zależności między poziomem ekspresji genów *PKM 2* i *CAST* a cechami jakości i przydatności technologicznej mięsa stwierdzono jedynie istotny związek poziomu ekspresji genu *PKM 2* z zawartością wody i tłuszczu śródmięśniowego oraz poziomu ekspresji genu *CAST* z pH<sub>35</sub> **(II.D.2.2.6)**.

Będąc członkiem zespołu naukowego, kierowanego przez Panią Profesor Marię Koćwin-Podsiadłą - we współpracy z zespołem Pana Profesora Stanisława Kamińskiego z Uniwersytetu Warmińsko Mazurskiego w Olsztynie – brałam udział, w jednym z pierwszych

w kraju, badaniach z wykorzystaniem mikromacierzy genomowej typu SNIPOK. Rezultatem tych badań było wytypowanie, metodą analizy mikromacierzy genomowej, grupy genów determinant, których polimorfizm jest związany z ekstremalnym zróżnicowaniem wycieku naturalnego (*CYP21*, *SFRS1*) potencjału glikolitycznego (*DECRI*, *PPARGC1*, *MC4R*) mięśnia *Longissimus lumborum* tuczników czy zawartości tłuszczu śródmięśniowego w mięsie (*ACSL4*) (II.A.2.16).

Sprostanie rosnącym wymaganiom konsumentów w odniesieniu do jakości mięsa i wyrobów mięsnych uwarunkowane jest również odpowiednim postępowaniem ze zwierzętami przed ubojem i podczas uboju.

Spośród czynników środowiskowych istotne oddziaływanie na ilościowe i jakościowe straty mięsa mają czynności ubojowe i postępowanie poubojowe z tuszami. W obrębie ww. zagadnienia celem mojej pracy była analiza wpływu zastosowanego stężenia CO<sub>2</sub> przy farmakologicznej metodzie oszłamiania świń na wybrane cechy jakości mięsa. Od kilku lat obserwuje się bowiem wzrost udziału świń oszłamianych CO<sub>2</sub>. Oszłamianie tą metodą w większym stopniu odpowiada wymaganiom dotyczącym ochrony zwierząt i konsumenta niż oszłamianie metodą mechaniczną lub elektryczną. Na uwagę zasługuje również fakt, że w mięsie świń oraz owiec i jagniąt oszłamianych farmakologicznie stwierdza się mniej wybroczyn krwawych, a mięso wieprzowe cechuje się mniejszymi ubytkami masy na skutek wycieku [Christensen 2008].

Prowadząc badania w tym zakresie stwierdziłam, iż zastosowana metoda oszłamiania świń, a ściślej mówiąc wielkość zastosowanego stężenia CO<sub>2</sub>, ma istotne znaczenie w kształtowaniu się poubojowych właściwości fizykochemicznych i funkcjonalnych mięsa wieprzowego. Większą częstość występowania mięsa z objawami PSE i DFD zaobserwowano wśród populacji tuczników oszołomionych 92% dwutlenkiem węgla (odp. 16 i 7% wobec 9 i 1% dla oszłamianych 88 % CO<sub>2</sub>). Występowanie tusz z mięsem kwaśnym odnotowano natomiast jedynie dla tuczników oszłamianych 88 % stężeniem CO<sub>2</sub>, wśród których 17 % zwierząt nie zostało skutecznie oszołomionych (II.D.2.1.32). Uzyskane rezultaty są podstawą do przeprowadzenia szczegółowej analizy na materiale o znanym genotypie, wyrównanej masie tuszy cieplej i mięsności, bowiem reakcja świń na CO<sub>2</sub> zależy w dużej mierze od tych czynników.

Kolejnym aspektem w mojej pracy badawczej, dotyczącej uwarunkowań środowiskowych jakości i przydatności technologicznej wieprzowiny, była analiza związku systemu chłodzenia tusz z cechami jakości mięsa. W tym celu półtusze prawe poddawano konwencjonalnemu wychładzaniu w temp. 4°C przez 24 h, półtusze lewe zaś poddawano szybkiemu chłodzeniu w trójfazowym tunelu (-10°C przez 15 min., -15°C przez 25 min., -5°C

przez 40 min. przy prędkości powietrza 3 m/s) a następnie do 24 h po uboju chłodzono w temp. 4°C. Prowadzone, wraz z zespołem badawczym, badania wykazały, iż szybkie chłodzenie istotnie spowalnia tempo spadku pH w mięśni *LL* w okresie od 2 do 96 h po uboju. Stwierdziliśmy również istotne współdziałanie pomiędzy wartością potencjału glikolitycznego a stopniem zakwaszenia tkanki mięśnia *LL*, które silniejsze było w grupie tusz poddanych szybkiemu wychładzaniu. Badania zespołu, w których uczestniczyłam, wykazały również, że szybkie wychładzanie tusz świń rasy duroc może prowadzić do nieznacznego zwiększenia wycieku naturalnego z tkanki mięśnia *LL* 48 h *post mortem* (**II.A.2.21, II.D.2.1.23, II.D.2.2.7**).

Analizując uwarunkowania jakości mięsa wieprzowego i jego przydatności technologicznej i kulinarnej zespół badawczy, do którego należałam, podjął badania dotyczące porównania dwóch metod oznaczania podstawowego składu chemicznego mięsa tj. wzorcowej metody analitycznej Soxhleta i metody transmisji w bliskiej podczerwieni NIT. Potrzeba prowadzenia badań wynikała z faktu, iż metoda Soxhleta mimo, że wciąż jest używana w laboratoriach, nie nadaje się do rutynowego zastosowania w zakładach przetwórstwa mięsnego, z uwagi na długi czas oznaczenia (ekstrakcja tłuszczu może trwać nawet cały dzień) oraz pracochłonność. W związku z powyższym istnieje konieczność poszukiwania innych metod pozwalających na szybkie oszacowanie marmurkowatości mięsa świń – przy wykorzystaniu np. transmisji w bliskiej podczerwieni NIT. Badania, w których uczestniczyłam, wskazały na małą precyzję pomiarów zawartości tłuszczu śródmięśniowego metodą NIT w porównaniu z referencyjną metodą analityczną (Soxhlet) (**II.A.2.3, II.D.2.4.18**).

Trzecim zagadnieniem w mojej pracy badawczej oraz obiektem moich szczególnych zainteresowań naukowych było poszukiwanie oraz ocena przydatności wskaźników fizykochemicznych mięsa do diagnozowania odchyleń jakościowych wieprzowiny. Ogromne zainteresowanie poszukiwaniem metod wykrywania odchyleń jakościowych mięsa wynika z wysokiej częstości występowania mięsa wadliwego, wzrostu wymagań konsumenckich oraz strat światowego, w tym również polskiego, przemysłu mięsnego z powodu obniżonej jakości mięsa. Konieczność dokładnego, szybkiego i ekonomicznego diagnozowania wad mięsa wieprzowego przyczyniała się do poszukiwania i opracowania wielu metod służących do określania i wykrywania odchyleń jakościowych.

Wraz z zespołem naukowym Katedry Hodowli Trzody Chlewnej i Oceny Mięsa Uniwersytetu Przyrodniczo Humanistycznego w Siedlcach, uczestniczyłam w pracach badawczych dotyczących oceny przydatności wybranych właściwości fizykochemicznych mięsa oraz pomiarów poubojowych do diagnozowania jakości kulinarnej i technologicznej

mięsa. W przeprowadzonych badaniach wykazano istotny związek  $pH_1$ ,  $R_1$ ,  $pH_{24}$ , przewodności elektrycznej, potencjału glikolitycznego i jego składowych (kwasu mlekowego i glikogenu) oraz wycieku naturalnego z cechami jakości mięsa determinującymi wartość kulinarną i przydatność przetwórczą wieprzowiny (**II.A.1.8**, **II.A.2.20**, **II.D.2.1.7**, **II.D.2.1.11**, **II.D.2.1.30**, **II.D.2.1.31**, **II.D.2.2.8**, **II.D.2.2.9**, **II.D.2.2.10**, **II.D.2.2.11**, **II.D.2.4.5**, **II.D.2.4.25**, **II.D.2.4.26**, **II.D.2.5.3**, **II.D.2.5.6**, **II.D.2.5.7**).

W zakresie prowadzonych badań stwierdzono, iż mięso o najmniejszym spadku pH w badanym okresie tj.  $\leq 0,88$  jednostki charakteryzowało się najniższą zawartością glikogenu oraz najwyższą koncentracją kwasu mlekowego w porównaniu do grupy charakteryzującej się istotnie wyższym poziomem glikogenu i najniższą zawartością kwasu mlekowego. Stwierdzono również, że od 3 godz. po uboju mięso tuczników zaklasyfikowanych do grupy o najmniejszym spadku pH w okresie od 45 min. do 48 h *post mortem*, charakteryzowało się istotnie niższym zasięgiem i tempem spadku pH w porównaniu do mięsa z grup pozostałych. Nie wykazano natomiast wpływu zasięgu zmian pH na jasność barwy mięsa i wyciek naturalny (**II.A.2.22**)

Ponadto brałam udział w badaniach nad dopracowaniem i weryfikacją (z wykorzystaniem osiągnięć genetyki molekularnej) skuteczności metod diagnozowania mięsa wadliwego dla celów przemysłu mięsnego w oparciu o właściwości fizykochemiczne łatwo mierzalne *on line* ( $pH_1$  i  $R_1$ ;  $pH_1$  i  $pH_{24}$ ;  $EC_{120}$  i  $pH_{24}$ , wartość potencjału glikolitycznego (PG) oraz o zasoby glikolityczne i glikolityczno-energetyczne do 45 min *post mortem* (**II.D.1.1**, **II.D.1.2**, **II.D.1.3**). Stwierdzono, że parametr  $pH_1$  uwarunkowany jest 2 genami (*RYR1* i *CAST/RsaI*),  $R_1$  – 4 genami (*RYR1* *CAST/Hinfl*, *CAST/RsaI* i *HFABP/MspI*),  $EC_{120}$  – 3 genami (*RYR1*, *RN*, *HFABP/MspI*) a  $pH_{24}$  – 5 genami (*PRKAG3*, *RN*, *CAST/Hinfl*, *CAST/RsaI* i *CAST/MspI*). Oznacza to, że metodę klasyfikacji odchyleń jakościowych w oparciu o  $pH_1$  i  $R_1$  warunkuje 6 genów,  $pH_1$  i  $pH_{24}$  – 7 genów, a  $EC_{120}$  i  $pH_{24}$  – 8 genów.

Badania nad poszukiwaniem - możliwych do zastosowania w linii ubojowej wkrótce po uboju zwierząt – metod oceny jakości mięsa stały się przedmiotem mojej pracy doktorskiej pt. „*Przydatność przewodności elektrycznej w diagnozowaniu jakości mięsa wieprzowego*”, w której dokonałam kompleksowej oceny przydatności pomiarów przewodności elektrycznej (EC) wykonanych po uboju i zastosowanych łącznie z innymi wyznacznikami jakości mięsa w diagnozowaniu zespołu cech mięsa oraz jego właściwości kulinarnych i przetwórczych. Celem pracy była również weryfikacja skuteczności wybranego najkorzystniejszego zestawu z ocenianych wyznaczników jakości mięsa uwzględniającego EC w określaniu jakości wieprzowiny na tle trzech metod najczęściej wykorzystywanych w praktyce. W swojej pracy doktorskiej wskazałam na wyjątkowo wysoką przydatność przewodności elektrycznej

mierzonej w 120 minut *post mortem* i  $pH_{24}$  w diagnozowaniu szerokiego spektrum cech jakości mięsa, jego wartości kulinarnej i przetwórczej. Stwierdziłam, że obydwa ww. parametry aż w 81 % determinują zespół cech jakości mięsa, w 72 % przydatność przetwórczą mięsa, w 64 % jego wartość kulinarną, a w 41 % zdolność utrzymywania wody przez mięso. Uzyskane rezultaty jednoznacznie wskazały na zasadność stosowania tych parametrów jako kryteriów do diagnozowania cech jakości mięsa i klasyfikacji odchyleń jakościowych. Ponadto analiza porównawcza czterech metod klasyfikacji mięsa wadliwego tj. opartej o badane kryteria  $EC_{120}$  i  $pH_{24}$  na tle trzech najczęściej stosowanych ( $pH_1$  i  $R_1$ ,  $pH_1$  i  $pH_{24}$  oraz  $pH_1$ ,  $pH_{24}$  i jasność barwy  $L^*$ ) potwierdziła wysoką przydatność analizowanej metody w diagnozowaniu cech jakości mięsa, umożliwiając wykorzystanie jej dla celów selekcji szerszego spektrum mięsa wadliwego, w tym po raz pierwszy o udowodnionych podstawach do wykrywania mięsa ciekącego, zarówno w warunkach przemysłowych jak i badaniach naukowych. Pragnę podkreślić, iż przygotowana praca doktorska została wyróżniona przez obydwu Recenzentów, którymi byli Prof. dr hab. Józefa Gardzielewska – z Wydziału Biotechnologii i Hodowli Zwierząt, Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie oraz Prof. dr hab. Władysław Migdał – z Wydziału Technologii Żywności, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie. Uzyskane w pracy wyniki były prezentowane między innymi na międzynarodowej konferencji „*Safe food. Plant production, animals production, management*”, która odbyła się w Bydgoszczy w 2008 roku (**II.D.2.4.22, II.D.2.4.23, II.D.2.4.24**).

W okresie po uzyskaniu stopnia naukowego doktora przedmiotem zainteresowań badawczych (poza kontynuacją ww. zagadnień) stała się zawartość tłuszczu śródmięśniowego w mięsie wieprzowym jako wyznacznik jakości kulinarnej i przydatności technologicznej mięsa w aspekcie zarówno przetwórczym jak i konsumenckim oraz analiza zachowań żywieniowych konsumentów mięsa. Stwierdzana bowiem w ostatnich latach zarówno przez krajowy jak i zagraniczny przemysł mięsny niska zawartość tłuszczu śródmięśniowego w wieprzowinie jest nieakceptowana przez współczesnego konsumenta. Rezultatem zainteresowania tym zagadnieniem było opracowanie rozprawy naukowej nt. „*Uwarunkowania genetyczne zawartości tłuszczu śródmięśniowego oraz jego przydatność w diagnozowaniu jakości mięsa wieprzowego*”, którą przedkładałam jako osiągnięcie naukowe.

Aktualnie, dzięki współpracy zespołu naukowego pod kierownictwem Pani Prof. Koćwin – Podsiadłej, w których uczestniczę, z zespołem Pani Prof. Abramczyk z Międzyresortowego Instytutu Techniki Radiacyjnej Politechniki Łódzkiej moje zainteresowania badawcze dotyczą wykorzystania szybkich metod diagnozowania jakości mięsa *post mortem* bezpośrednio w procesie produkcyjnym metodą spektroskopii

absorpcyjnej i spektroskopii Ramana w oparciu o parametry glikolityczno-energetyczne oraz parametry spektroskopowe charakterystyczne dla: protein, lipidów, kwasów tłuszczowych i wody. Znamienność innowacyjnej metody polega na tym, że tusza umieszczona na linii produkcyjnej przygotowana do procesu produkcyjnego będzie, po dopracowaniu metody i skonstruowaniu aparatu, poddawana badaniu nieinwazyjnym, polegającym na wczesnym, szybkim i obiektywnym określaniu metabolitów oraz profilu proteinowo-lipidowego decydujących o ostatecznej, jakości i przydatności technologicznej i konsumpcyjnej mięsa. Metabolity oraz profil lipidowo-proteinowy będą określane w badaniu spektrometrycznym oraz badaniu techniką rozpraszania Ramana. Dopracowanie tej metody umożliwi wyodrębnienie klas jakości mięsa i osiągnięcie lepszych efektów ekonomicznych zakładu mięsnego, a także zwiększy na rynku pulę mięsa o lepszej przydatności technologicznej, a tym samym wyższej jakości konsumenckiej (**II.D.2.2.10, II.D.2.2.11**).

Reasumując, efektem realizacji prowadzonych przeze mnie badań naukowych są 73 oryginalne prace twórcze, w tym 30 (z czego 22 po uzyskaniu stopnia doktora) opublikowane w czasopismach naukowych o zasięgu światowym, zamieszczonych na liście JCR, m.in. w Meat Science, Journal of Animal Breeding and Genetics, Animal Science, Fleischwirtschaft, Animal Science Papers and Reports, Annals of Animal Science, Żywność. Nauka. Technologia. Jakość, oraz w punktowanych czasopismach zamieszczonych na liście B MNiSW, m.in. Polish Journal of Food and Nutrition Sciences, Journal Central European Agricultural i materiałach z kongresów międzynarodowych.

Ponadto rezultaty badań, w które byłam bezpośrednio zaangażowana oraz aktywnie uczestniczyłam w realizacji zadań, opracowaniu statystycznym i merytorycznym wyników, umożliwiły opracowanie zaleceń praktycznych dla zakładów mięsnych i znalazły zastosowanie praktyczne w postaci dwóch wdrożeń w zakładach mięsnych należących do grupy SOKOŁÓW S.A.: „*Przydatność aparatu INFRATEC do analizy składu podstawowego mięsa w warunkach produkcyjnych przemysłu mięsnego*” oraz „*Przydatność tuczników z różnych wariantów krzyżowania towarowego do produkcji wieprzowiny wysokiej jakości*”.

## **6. Zestawienie dotyczące dorobku publikacyjnego**

Mój dotychczasowy dorobek publikacyjny obejmuje 116 pozycji, w tym:

- 73 oryginalne prace twórcze, z czego 30 opublikowano w czasopismach wyróżnionych przez Journal Citation Reports,
- 1 monografię oraz 3 rozdziały w dwóch opracowaniach książkowych,
- 2 prace o charakterze przeglądowym,
- 30 komunikatów naukowych o zasięgu krajowym i międzynarodowym,



- 7 prac popularno – naukowych,
- oraz 2 wdrożenia zastosowane w zakładach mięsnych należących do Spółki SOKOŁÓW.

**Wartość naukowa dorobku publikacyjnego:**

- suma pkt. za publikacje wg wykazu czasopism naukowych MNiSW zgodnie z rokiem opublikowania pracy – **655 pkt.** (w tym 503 pkt. po uzyskaniu stopnia doktora)
- suma pkt. za publikacje wg aktualnego wykazu czasopism naukowych MNiSW (z dnia 17.12.2013) – **1077 pkt.** (w tym 702 pkt. po uzyskaniu stopnia doktora)
- sumaryczny Impact Factor (IF) wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodny z rokiem opublikowania pracy – **17,84**
- liczba cytowań wg bazy Web of Science – **33** (bez autocytowań 29)
- indeks Hirscha wg bazy Web of Science dla prac cytowanych – **3**
- indeks Hirscha wg bazy Web of Science dla prac indeksowanych - **4**

Pełny wykaz prac naukowych i popularyzatorskich, których jestem autorką lub współautorką oraz opis mojej działalności dydaktycznej i popularyzatorskiej znajdują się w załącznikach odp. 3 i 4.

**Wykaz opublikowanego dorobku naukowego z podziałem na: oryginalne prace twórcze, prace przeglądowe, monografie i opracowania książkowe, komunikaty i artykuły naukowe oraz artykuły popularno – naukowe**

Rodzaj publikacji	Liczba publikacji	IF <sup>a)</sup>	Suma pkt. wg MN i SW <sup>b)</sup>	Suma pkt. wg MN i SW <sup>c)</sup>
<b><i>Oryginalne prace twórcze w tym:</i></b>				
• opublikowane w czasopismach wyróżnionych przez <i>Journal Citation Reports</i> (z bazy JCR)	<b>30</b>	<b>17,84</b>	<b>490</b>	<b>780</b>
- w tym recenzowane prace naukowe w suplementach	14	5,105	210	350
• opublikowane w czasopismach spoza bazy JCR	<b>32</b>	-	157	<b>278</b>
- w tym recenzowane prace naukowe w suplementach <sup>d)</sup>	8	-	36	120
• opublikowane w materiałach z kongresów i konferencji naukowych	<b>11</b>	-	-	-
<b><i>Ogółem oryginalne prace twórcze</i></b>	<b>73</b>	<b>17,84</b>	<b>647</b>	<b>1058</b>
Monografie i opracowania książkowe	<b>4</b>	-	-	-
Prace o charakterze przeglądowym	<b>2</b>	-	4	15
Komunikaty i artykuły naukowe	<b>30</b>	-	-	-
Prace popularno-naukowe	<b>7</b>	-	4	4
<b><i>Ogółem publikacje naukowe</i></b>	<b>116</b>	<b>17,84</b>	<b>655</b>	<b>1077</b>

<sup>a)</sup> – sumaryczny Impact Factor (IF) wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodny z rokiem ukazania się pracy;

<sup>b)</sup> – liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MN i SW obowiązującego w roku wydania pracy;

<sup>c)</sup> – liczba punktów wg aktualnego wykazu czasopism naukowych MN i SW (z dnia 17.12.2013)

<sup>d)</sup> -dotyczy prac opublikowanych przed doktoratem, które aktualnie znajdują się w bazie JCR, natomiast w roku opublikowania nie były wyróżnione przez Journal Citation Reports

## Zestawienie liczbowe czasopism, w których opublikowano prace naukowe

Nazwa czasopisma	Liczba publikacji	IF <sup>a)</sup>	pkt. wg MN i SW w poszczególnych latach	Suma pkt. wg MN i SW <sup>b)</sup>	Suma pkt. wg MN i SW <sup>c)</sup>
Meat Science	4	9,696	2008 – 24 pkt, 1 pr. 2010 -32 pkt, 2 pr. 2011 – 40 pkt, 1 pr. 2013 – 40 pkt	128	160
Journal of Animal Breeding and Genetics	1	1,574	2010 – 27 pkt, 1 pr. 2013 – 35 pkt	27	35
Animal Science	5	5,105	2006 – 24 pkt, 5 pr. 2013 – 25 pkt	120	125
Fleischwirtschaft	1	0,129	2005 – 10 pkt, 1 pr. 2013 – 15 pkt	10	15
Animal Science Papers and Reports	16	0,306	2004 – 10 pkt, 7 pr. 2006 - 10 pkt, 7 pr. 2007 – 10 pkt, 2 pr. 2013 – 25 pkt	160	400
Annals of Animal Science	5	0,84	2002 – 6 pkt, 2 pr. 2003 - 6 pkt, 1 pr. 2013 – 15 pkt, 1 pr. 2014 – 15 pkt, 1pr.	48	75
Żywność.Nauka. Technologia.Jakość	7	0,190	2003 – 4 pkt, 2 pr. 2005 - 4 pkt, 4 pr. 2013 – 15 pkt, 1 pr.	39	105
Journal Central European Agricultural	1	-	2010 – 9 pkt, 1 pr. 2013 – 8 pkt	9	8
Polish Journal of Food and Nutrition Sciences	4	-	2001 – 6 pkt, 1 pr. 2004 - 6 pkt, 1 pr. 2009 – 8 pkt, 1 pr. 2011 – 8 pkt, 1 pr. 2013 – 10 pkt	28	40
Roczniki Naukowe PTZ	13	-	2005 – 4 pkt, 1 pr. 2007 - 4 pkt, 2 pr. 2008 – 6 pkt, 4 pr. 2009 – 6 pkt, 2 pr. 2010 – 6 pkt, 4 pr. 2013 – 7 pkt,	72	91
Roczniki Naukowe Zootechniki	1	-	2001 – 4 pkt, 1 pr. 2013 – 4 pkt	4	4
Prace i Materiały Zootechniczne	1	-	2002 – 2 pkt, 1 pr. 2013 – 0 pkt	2	-
Przegląd Hodowlany	1	-	2004 – 4 pkt, 1 pr. 2013 – 4 pkt	4	4
Zeszyty Naukowe Przeglądu Hodowlanego	2	-		-	-
Zeszyty Naukowe AR Wrocław	1	-		-	-
Trzoda Chlewna	1	-		-	-
Magazyn Przemysłu Mięsnego	4	-		-	-
Mięso i Wędliny	1	-		-	-
Monografie i opracowania książkowe	4	-		-	-
Komunikaty i artykuły naukowe	30	-		-	-
Prace w materiałach z kongresów i konferencji nauk.	11	-		-	-
Prace przeglądowe	2	-	2003 – 4 pkt, 1 pr. 2013 – 15 pkt.	4	15
<b>Razem</b>	<b>116</b>	<b>17,84</b>		<b>655</b>	<b>1077</b>

a) – sumaryczny Impact Factor (IF) wg bazy Journal Citation Reports (JCR) zgodny z rokiem ukazania się pracy;

b) – liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MN i SW obowiązującego w roku wydania pracy;

c) – liczba punktów wg aktualnego wykazu czasopism naukowych MN i SW (z dnia 17.12.2013)

**Wykaz osiągnięć w pracy naukowo-badawczej opublikowanych przed i po uzyskaniu stopnia naukowego doktora**

Lp.	Rodzaj publikacji	Przed uzyskaniem stopnia naukowego doktora			Po uzyskaniu stopnia naukowego doktora			Łącznie		
		Liczba publikacji	Suma pkt. wg MNiSW*	Suma pkt. wg MNiSW**	Liczba publikacji	Suma pkt. wg MNiSW*	Suma pkt. wg MNiSW**	Liczba publikacji	Suma pkt. wg MNiSW*	Suma pkt. wg MNiSW**
<b>1</b>	<b>Oryginalne opublikowane prace twórcze w tym:</b>	<b>26</b>	<b>144</b>	<b>356</b>	<b>47</b>	<b>503</b>	<b>702</b>	<b>73</b>	<b>647</b>	<b>1058</b>
1.1	w czasopiśmie wyróżnionych przez <i>Journal Citation Reports</i>	8	80	190	22	410	590	30	490	780
1.2	w pozostałych czasopiśmie	17	64	166	15	93	112	32	157	278
1.3	w materiałach z kongresów i konferencji naukowych	1		-	10	-	-	11	-	-
<b>2</b>	<b>Inne publikacje w tym:</b>	<b>27</b>	<b>8</b>	<b>19</b>	<b>16</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	<b>43</b>	<b>8</b>	<b>19</b>
2.1	Monografie i opracowania książkowe	1		-	3	-	-	4	-	-
2.2	Prace o charakterze przeglądowym	2	4	15	-	-	-	2	4	15
2.3	Komunikaty naukowe	21		-	9	-	-	30	-	-
2.4	Prace popularno-naukowe	3	4	4	4	-	-	7	4	4
<b>3.</b>	<b>Ogółem publikacje naukowe</b>	<b>53</b>	<b>152</b>	<b>375</b>	<b>63</b>	<b>503</b>	<b>702</b>	<b>116</b>	<b>655</b>	<b>1077</b>

\* - liczba punktów wg wykazu czasopism naukowych MN i SW obowiązującego w roku wydania pracy;

\*\* - liczba punktów wg aktualnego wykazu czasopism naukowych MN i SW (z dnia 17.12.2013)

## Cytowane piśmiennictwo

1. Babicz – Zielińska E., Zabrocki R., 2007: *Konsument XXI wieku*. Przemysł Spożywczy, 1, s. 6 – 8.
2. Barbut S., Sośnicki A.A., Lonergan S.M., Knapp T., Ciobanu D.C., Gatcliffe L.J., Huff-Lonergan E., Wilson E.W., 2008: *Progress in reducing the pale, soft and exudative (PSE) problem in pork and poultry meat*. Meat Science, 79, s. 46–63.
3. Blicharski T., Hammermeister A., 2006: *Problemy współczesnej hodowli i produkcji świń – 3*. Międzynarodowa Konferencja „Zastosowanie osiągnięć naukowych z zakresu genetyki, rozrodu, żywienia oraz jakości tusz i mięsa w nowoczesnej produkcji świń”, Wydawnictwo Uczelniane Akademii Techniczno-Rolniczej Bydgoszcz, s. 11–18.
4. Blicharski T., Hammermeister A., Pierzchała M., 2006: *Zawartość tłuszczu śródmięśniowego w mięsie wieprzowym*. Gospodarka Mięsna, 6, s.
5. Candek-Potokar M., Zlender B., Lefaucher L., Bonneau M., 1998: *Effects of age and, or weight at slaughter on Longissimus dorsi muscle, biochemical traits and sensory quality in pigs*. Meat Science, 48, s. 287-300.
6. Cánovas A., Quintanilla R., Amills M., Pena R. N., 2010: *Muscle transcriptomic profiles in pigs with divergent phenotypes for fatness traits*. BMC Genomics, 11, s. 372 [http://www.biomedcentral.com/147-2164/11/372].
7. Chmurzyńska A., Świtoński M., 2004: *Polimorfizm genu H-FABP i jego związek z cechami otluszczenia świni*. Materiały konf. Polskiego Kongresu Genetyki, Gdańsk 6-9 wrzesień 2004, W 73, s. 127.
8. Christensen L., 2008: *CO<sub>2</sub> – stunning of cattle brings advantages*. Fleischwirtschaft, 88, s. 133-138.
9. Cieślak J., Skorczyk A., Stachowiak M., Szydłowski M., Grześ M., Paczyńska P., Skowrońska B., Majewska K., Stankiewicz W., Fichna P., Świtoński M., 2011: *Polymorphism in 5' -flanking regions of genes encoding adiponectin, leptin and resistin are not associated with obesity of Polish children and adolescents*. Molecular Biology Reports, 38, s. 1793-1798.
10. Ellis M., 2006: *High quality pork production system*. Animal Science, 1, Supp., s. 99–100.
11. Ernst C. W., Steibel J. P., 2013: *Molecular advances in QTL discovery and application in pig breeding*. Trends in Genetics, 29, 4, s. 215-224.
12. Fortomaris P., Arsenos G., Georgiadis M., Banos G., Stamataris C., Zygoyiannis D., 2006: *Effect of meat appearance on consumer preferences for pork chops in Greece and Cyprus*. Meat Science, 72, s. 688-696.
13. Georges M., 2011: *The long and winding road from correlation to causation*. Nature Genetics, 43, 3, s. 180-181.
14. Gerbens F., Van Erp A. J. M., Harders F. L., Verburg F. L., Meuwissen T. H. E., Veerkamp J. H., te Pas, M. F., 1999: *Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance in pigs*. Journal of Animal Science, 77, s. 846–852.
15. Grayson M., 2010: *Nutrigenomics*. Nature, 468(7327), s.1.
16. Grześkowiak E., Borzuta K., Lisiak D., Janiszewski P., Strzelecki J., 2010. *Przydatność kulinarna mięsa świń ras białych oraz mieszańców z udziałem knurów ras duroc i pietrain*. Nauka Przyroda Technologie, 4, 5, s. 58.
17. Hyman M., 2011: *Why your genes don't determine your health?* www.sott.net/article/220892, 01.01.2011.
18. Huff-Lonergan E., Lonergan S.M., 2007: *New frontiers in understanding drip loss in pork: recent insights on the role of post-mortem muscle bio-chemistry*. Journal of Animal Breeding and Genetics, 124 (Suppl. 1), s. 19-26.
19. Jaworska D., Przybylski W., Czarniecka-Skubina E., Wachowicz I., 2007: *Jakość sensoryczna mięsa wieprzowego pochodzącego od tuczników o zróżnicowanej mięsności*. Roczniki Instytutu Przemysłu Mięsnego i Tłuszczowego, XLV, I, 51-60.
20. Kamińska – Kaczmarek B., 2011: *Jak regulowana jest ekspresja genów u eukariotów?* XV Festiwal Nauki 19 wrzesień, Instytut Biologii Doświadczalnej im. M. Nenckiego PAN, mat. wykładowe [http://www.festiwalnauki.edu.pl/node/2639].
21. Kamiński S., Brym P., Wojcik E., 2009: *A note on associations between polymorphism within the 2, 4-dienoyl-CoA reductase gene (DECRI) and growth rate of Polish Landrace boars*. Journal of Animal and Feed Sciences, 18, s. 71-77.
22. Kmiec M., Koćwin-Podsiadła M., Terman A., Krzęcio E., Grzelak T., 2010: *Zróżnicowanie cech jakości tuszy tuczników w zależności od polimorfizmu genu hormonu wzrostu (GH/HaeII)*. Acta Scientiarum Polonorum, Zootechnica, 9, (2), s. 11–20.
23. Koćwin – Podsiadła M., Krzęcio E., Antosik K., 2003: *Rynek mięsa wieprzowego. Postęp w doskonaleniu mięsności i jakości mięsa w Polsce w świetle danych i standardów krajów Unii Europejskiej*. Żywność Nauka Technologia Jakość, 4 (37), suppl., s. 214-220.
24. Koćwin – Podsiadła M., Krzęcio E., Zybert A., Sieczkowska H., Antosik K., 2009: *Polimorfizm wybranych genów i ich związek z jakością wieprzowiny*. W: „Genomika bydła i świń” pod red. Zwierzchowskiego L. i Świtońskiego M., s. 167-185.
25. Koćwin-Podsiadła M., Krzęcio E., 2004: *Nowe trendy w badaniach jakości wieprzowiny*. Prace i Materiały Zootechniczne, Zeszyt Specjalny, 15, s. 85-92.
26. 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 fizyko-*

- chemiczne i funkcjonalne tkanki mięśniowej*. W: Świtoński (Ed.), *Postępy genetyki molekularnej bydła i trzody chlewnej* AR Poznań, s. 260–329.
27. Krzęcio E., Antosik A., Koćwin-Podsiadła M., Zybert A., Sieczkowska H., Kurył J., Łyczyński A., 2004: *Quality and technological value of meat from porkers of six genetic groups as related to RYR1<sup>T</sup> gene*. *Animal Science Papers and Reports*, 22, Suppl. 3, s. 19-30.
28. Lin L., 2009: *Genomic characterization and polymorphism analysis of genes involved in lipid- and energy metabolism in swine*. PhD Thesis, Technische Universität München, s. 1–131.
29. Lisiak D., Grześkowiak E., Borys A., Borzuta K., Strzelecki J., Magda F., Lisiak B., Powalowski K., 2011: *Wpływ mięsności tusz wieprzowych na wydajność mięsa i tłuszczu*. *Nauka Przyroda Technologie*, 5, 6, s. 1-13.
30. McCarthy M.I., 2010: *Genomics, type 2 diabetes, and obesity*. Review. *New England Journal of Medicine*, 363(24), s. 2339-50.
31. Mercade A., Estelle J., Perez-Enciso M., Varona L., Silio L., Noguera J. L., Sanchez A., Folch J. M., 2006: *Characterization of the porcine acyl-CoA synthetase long-chain 4 gene and its association with growth and meat quality traits*. *Animal Genetics*, 37, s. 219–224.
32. Migdał Wł., Wojtysiak D., Palka K., Natonek-Wiśniewska M., Duda I., Nowocień A., 2007: *Skład chemiczny i parametry tekstury wybranych mięśni tuczników rasy polskiej białej zwistouchy ubijanych w różnym wieku*. *Żywność. Nauka. Technologia. Jakość*, 6 (55), s. 277–284.
33. Molenda P., Tereszkievicz K., Ruda M., 2005: *Ocena zawartości tłuszczu w tuszach i wyrębach technologicznych świń rasy duroc*. *Roczniki Naukowe Polskiego Towarzystwa Zootechnicznego*, 1, 3, s. 545-554.
34. Morrow K.J.Jr., 2012: *Epigenomics infiltrates cancer treatment*. *Genetic Engineering Biotechnology News*. October, s. 12-12.
35. Ovilo C., Oliver M. A., Noguera J. L., Clop A., Barragan C., Varona L., Rodriguez M. C., Toro M., Sanchez A., Perez-Enciso M., Silio L., 2000: *H-FABP gene association study for body composition in pigs*. ISAG Conf. Abstract Book, Minnesota, July 22–26.
36. Połom A., Baryłko-Pikielna N., 2005: *Czy preferencje wyboru mięsa wieprzowego w czasie zakupu znajdują potwierdzenie po obróbce termicznej? Konsument Żywności i jego zachowania w warunkach Polskiego członkostwa w Unii Europejskiej*, Wyd. SGGW, Warszawa.
37. Przybylski W., Jaworska D., Olczak E., Namysław I., Kajak – Siemaszko K., Santé-Lhoutellier V., Niemyjski S. 2010: *Characteristic of slaughter value and meat quality of three synthetic pig lines*. *South African Journal of Animal Science*, 40 (3), s. 198-203.
38. Przybylski W., Kajak-Siemaszko K., Jaworska D., Czarniecka-Skubina E., Wachowicz I., Urbańska I., 2007: *Influence of different level of intramuscular fat on pork quality*. *Animal Science*, Vol. 1, s. 112-113.
39. Resurreccion A. V A., 2004: *Sensory aspects of consumer choices for meat and meat products*, *Meat Science*, 66, s. 11–20.
40. Rosenvold K., Andersen H.J., 2003: *Factors of significance for pork quality—a review*. *Meat Science*, 64, s. 219-237.
41. Różycki M., 2005: *Doskonalenie krajowego pogłowia świń pod względem jakości i ilości*. International Scientific Conference „Quality of meat present situation and perspectives in its improvement and processing, Baranowo, 14–15.09.2005.
42. Ruś A., Sieczkowska H., Krzęcio E., Antosik K., Zybert A., Koćwin-Podsiadła M., Kamiński S., 2011: *The association between acyl-CoA synthetase (ACSL4) polymorphism and intramuscular fat content in (Landrace × Yorkshire) × Duroc pigs*. *Meat Science*, 89, s. 440–443.
43. Schwab C. R., Mote B. E., Du Z. Q., Amoako R., Baas T. J., Rothschild M. F., 2009: *An evaluation of four candidate genes for use in selection programmes aimed at increased intramuscular fat in Duroc swine*. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(3), s. 228–236.
44. Schwörer D., Hofer A., Lorenz D., Rebsamen A., 2000: *Selection progress of intramuscular fat in Swiss pig production*. EAAP Publication, No. 100, Zurich, Switzerland, 25 August 1999, s. 69-72.
45. Sieczkowska H., Antosik K., Zybert A., Krzęcio E., Koćwin-Podsiadła M., Kurył J., Łyczyński A., 2006 a: *The influence of H-FABP gene polymorphism on quality and technological value of meat from stress-resistant porkers obtained on the basis of Danish pigs and sharing Duroc blood*. *Animal Science Papers and Reports*, 24, Suppl. 3, s. 259–267.
46. Sieczkowska H., Zybert A., Krzęcio E., Antosik K., Koćwin-Podsiadła M., Kurył J., Łyczyński A., 2006 b: *The influence of H-FABP gene polymorphism on quality and technological value of meat from stress-resistant Landrace and Landrace x Yorkshire porkers, obtained on the basis of Danish pigs*. *Animal Science Papers and Reports*, 24, Suppl. 3, s. 251–259.
47. Słowiński M., Chmiel M., 2013: *PSE nowa metoda wykrycia*. *Polskie Mięso*, 9, s. 20-21.
48. Spalding K.L., Arner E., Westermark P.O., Bernard S., Buchholz B.A., Bergmann O., Blomqvist L., Hoffstedt J., Näslund E., Britton T., Concha H., Hassan M., Rydén M., Frisén J., Arner P., 2008: *Dynamics of fat cell turnover in humans*. *Nature*, 453 (7196), s. 783-7.

49. Stachowiak M., Świtoński M., 2009: *Poziom transkrypcji wybranych genów związanych z gospodarką lipidową w mięśniach świń*. W: Genomika Bydła i Świń pod red. Zwierzchowski L. i Świtoński M., Wydawnictwo UP Poznań, s. 305-314.
50. Świtoński M., 2008: *Postępy genomiki zwierząt domowych*. Nauka, 1, s. 27-43.
51. Świtoński M., Stachowiak M., Cieślak J., Bartz M., Grześ M., 2010: *Genetics of fat tissue accumulation in pigs: a comparative approach*. Journal of Applied Genetics, 51 (2), s. 153-168.
52. Urban T., Mikolasova R., Kuciel J., Ernst M., Ingr L., 2002: *A study of associations of the H-FABP genotypes with FAT and meat production of pigs*. Journal of Applied Genetics, 43(4), s. 505-509.
53. Urbański P., 2003: *Geny warunkujące tempo wzrostu i otluszczenie tuszy świń*. Prace i Materiały Zootechniczne, Monografie i Rozprawy, 6, s. 49-65.
54. Urbański P., Pierzchała M., Terman A., Kamyczek M., Różycki M., Kurył J., Roszczyk A., 2010: *Polimorfizm wybranych genów enzymów proteolitycznych a mięsność tuszy świń*. Materiały konf. III Polski Kongres Genetyki, Lublin 12-15 września, s. 163.
55. Wood J. D., Nute G. R., Richardson R. I., Whittington F. M., Southwood O., Plastow G., Mansbridge R., da Costa N., Chang K.C., 2004: *Effects of breed, diet and muscle on fat deposition and eating quality in pigs*. Meat Science, 67, s. 651-667.
56. Wood J.D., Wiseman J., Cole D.J., 1994: *Control and manipulation of meat quality*. Principles of pig science. Nottingham University Press, s. 433-457.
57. Zhao S.M., Ren L.J., Chen L., Zhang X., Cheng M.L., Li W.Z., Zhang Y.Y., Gao S.Z., 2009: *Differential expression of lipid metabolism related genes in porcine muscle tissue leading to different intramuscular fat deposition*. Lipids, 44, s. 1029-1037.

Archisileg

