

ROCZNIKI NAUKOWE ZOOTECHNIKI

INSTYTUT ZOOTECHNIKI
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY
KRAKÓW 2010

T. 37

z. 2

RADA REDAKCYJNA

Prof. dr hab. *Jędrzej Krupiński* — przewodniczący — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Franciszek Brzóska* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Zbigniew Dobrzański* — Wrocław, prof. dr hab. *Marian Duniec* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Eugeniusz Herbut* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Dymitr Kaliszewicz* — Olsztyn, dr hab. *Ewa Kapkowska*, prof. AR Kraków, prof. dr hab. *Jerzy Koreleski* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Jolanta Kurył* — Jastrzębiec, prof. dr hab. *Jan Niemiec* — Warszawa, prof. dr hab. *Andrzej Potkański* — Poznań, prof. dr hab. *Marian Różycki* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Jadwiga Seremak-Bulge* — Warszawa, prof. dr hab. *Zdzisław Smorąg* — Kraków-Balice, prof. dr hab. *Tadeusz Szulc* — Wrocław

REDAKCJA

Redaktor naczelny — prof. dr hab. *Mariusz Pietras*
Zastępcy redaktora naczelnego — prof. dr hab. *Ewa Słota*,
prof. dr hab. *Juliusz Książkiewicz*
Sekretarz redakcji — mgr *Danuta Dobrowolska*
Opracowanie redakcyjne — mgr *Magdalena Bielska*, mgr *Danuta Dobrowolska*,
mgr *Jerzy Pilawski*, mgr *Katarzyna Skupniewicz*
Projekt okładki — *Beata Barszczewska-Wojda*

Adres redakcji — Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy,
ul. Sarego 2, 31-047 Kraków

Wydanie publikacji
dofinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego

© Copyright by Instytut Zootechniki PIB

PL ISSN 0137-1657

NOWE KIERUNKI W BADANIACH ŻYWIENIOWYCH – NUTRIGENOMIKA

Marek Pieszka, Mariusz P. Pietras

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Dział Żywienia Zwierząt i Paszoznawstwa,
32-083 Balice k. Krakowa

W minionej dekadzie nastąpił znaczący rozwój nie tylko genomiki i proteomiki, ale także dyscyplin łączących nauki o żywności i żywieniu z biologią molekularną: nutrigenetyki i nutrigenomiki. Nutrigenomika jest nauką zajmującą się wpływem bioaktywnych składników diety na ekspresję genów oraz uwarunkowanymi genetycznie różnicami w reakcjach organizmu na składniki pokarmowe obecne w codziennej diecie. Przedmiotem zainteresowania nutrigenomiki jest badanie zależności między żywieniem a odpowiedzią organizmu na poziomie ekspresji genów. W badaniach nutrigenomicznych poddawane są analizie różnice genetyczne, u osobników lub ras, które mogą decydować o sposobie działania składników diety (Kogut, 2009). Celem nutrigenetyki jest identyfikacja polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) oraz alleli odpowiedzialnych za zróżnicowanie odpowiedzi lub reakcje organizmów na bioaktywne składniki diety. Znajomość tych mechanizmów i indywidualnych uwarunkowań genetycznych pozwoli w przyszłości projektować dietę i żywność funkcjonalną przeznaczoną dla określonych populacji lub pojedynczych osób. Techniki genomiczne mogą sprzyjać rozwojowi dziedziny zajmującej się żywnością funkcjonalną, która pozwala (WHO Statistical Information System, 2009) korzystnie zmieniać ekspresję genów poszczególnych osobników (Kersten, 2008) oraz wprowadzić „odżywianie spersonalizowane”, w którym ilość przyjmowanych składników odżywczych jest zoptymalizowana w oparciu o indywidualny profil genetyczny tak, aby ograniczyć ryzyko wystąpienia chorób oraz/lub ulepszyć ogólną efektywność diety. W artykule podjęto próbę przeglądu ostatnich badań, w których wykorzystano techniki genomiczne – analizę ekspresji genu lub analizę zmienności genetycznej – w celu odkrycia mechanizmów działania żywności funkcjonalnej na czynniki ryzyka chorób układu krążenia, nowotworowych, metabolicznych i innych. Ponadto opisano zależności pomiędzy dietą i jej bioaktywnymi składnikami a funkcjonowaniem genów, szlaków metabolicznych i sygnałowych.

Żywność funkcjonalna a nutrigenomika

Żywność funkcjonalna została po raz pierwszy zdefiniowana i opisana przez Japończyków w 1991 roku. W 1998 roku Komisja Europejska – Functional Food Science in Europe opracowała definicję żywności funkcjonalnej, według której żywność może być określana jako funkcjonalna, jeśli naukowo udowodniono jej korzyści zdrowotne ponad odpowiednio wystarczający efekt żywieniowy oraz że posiada ona składniki działające w zakresie poprawy jednej lub więcej funkcji człowieka, wpły-

wając korzystnie na stan zdrowia i samopoczucia lub na obniżenie ryzyka choroby. Żywność funkcjonalną zdefiniowano także jako podobną do żywności konwencjonalnej, konsumowanej jako część codziennej diety i poza podstawową funkcją odżywczą mającą udowodniony, korzystny wpływ na fizjologię i/lub ograniczającą ryzyko chorób przewlekłych.

Podziału żywności funkcjonalnej możemy dokonać ze względu na sposób oddziaływania fizjologicznego w organizmie: na żywność zmniejszającą ryzyko chorób krążenia, chorób nowotworowych czy osteoporozy, żywność regulującą właściwe funkcjonowanie przewodu pokarmowego oraz żywność przeznaczoną dla osób obciążonych stresem. Innego podziału możemy dokonać ze względu na przeznaczenie dla sportowców, kobiet w ciąży, niemowląt, dla młodzieży w okresie dojrzewania oraz dla osób w starszym wieku. Ponadto żywność możemy podzielić na żywność naturalną – bogatą w jakiś składnik odżywczy, żywność wzbogaconą, w której składniki prozdrowotne zostały dodane oraz żywność pozbawioną czynników antyżywnościowych.

Coraz częściej termin żywność funkcjonalna jest stosowany w stosunku do produktów zawierających wielonienasycone kwasy tłuszczowe z rodziny n-3, fitosterole, polifenole, błonnik, wyselekcjonowane szczepy bakterii kwasu mlekowego i inne (Ferguson i Philpott, 2008) (tab. 1).

Tabela 1. Składniki diety zapobiegające uszkodzeniom DNA i regulujące stabilność genomu
Table 1. Dietary components that prevent damage to DNA and regulate the stability of the genome

Składnik Component	Mechanizm Action	Źródło literatury Source of literature
Kwas foliowy	Hamuje pęknięcia DNA	Ames, 2006; Ferguson i Philpott, 2008
Witamina C	Hamuje utlenianie zasad nukleinowych	Kaput i Rodriguez, 2004
Witamina E	Hamuje utlenianie zasad nukleinowych	Kaput i Rodriguez, 2004
Wapń	Hamuje pęknięcia chromosomów	Ames, 2006
Cholina	Zapobiega uszkodzeniom DNA	Ames, 2006
Magnez	Zapobiega uszkodzeniu jądrowego i mitochondrialnego DNA	Ames, 2006

Tabela 2. Niedobory witamin i minerałów jako przyczyna uszkodzeń DNA (za Kaput i Rodriguez, 2004)
Table 2. Deficiencies of vitamins and minerals as the cause of DNA damage

Składnik Component	Rodzaj uszkodzenia DNA Type of DNA damage	Skutek/choroba The effect/disease
Kwas foliowy	Pęknięcia DNA	Rak jelita, choroby serca, dysfunkcje mózgu
Witamina B ₁₂	nieznany	Rak jelita, choroby serca, dysfunkcje mózgu
Witamina B ₆	nieznany	Rak jelita, choroby serca, dysfunkcje mózgu
Witamina E	Utlenianie zasad nukleinowych	Rak jelita, choroby serca, upośledzenie odporności
Witamina C	Utlenianie zasad nukleinowych	Zaćma, nowotwory
Żelazo	Pęknięcia DNA, utlenienie zasad	Nowotwory, dysfunkcje mózgu
Cynk	Pęknięcia DNA, utlenienie zasad	Nowotwory, dysfunkcje mózgu

Dostarczenie naukowych dowodów na prozdrowotne działanie żywności funkcjonalnej jest trudne. Niekiedy wyniki badań są niejednoznaczne i nie dają pewności co do skuteczności korzystnego oddziaływania kwasów PUFA *n-3* na organizm (Hooper i in., 2006). Jedną z możliwych przyczyn niejednoznacznych wyników jest fakt, że w dotychczasowych badaniach nie uwzględniono różnic genetycznych pomiędzy badanymi osobami. Konieczna staje się identyfikacja molekularna mechanizmów działania bioaktywnych składników diety. Kwasy PUFA *n-3* mogą redukować ryzyko nowotworu lub chorób układu krążenia u pewnej części populacji, podczas gdy u osób o innym genotypie nie da się zaobserwować korzystnego działania tych związków. Należy przytoczyć fakt, że w populacji Eskimosów, których dieta obfita jest w ryby będące bogatym źródłem długołańcuchowych kwasów tłuszczowych PUFA *n-3*, obserwuje się istotne zmniejszenie zapadalności na choroby układu krążenia. Na całym świecie choroby sercowo-naczyniowe (CVD) są główną przyczyną śmierci. W 2005 roku z powodu CVD zmarło 17,5 mln ludzi, co stanowiło 30% wszystkich zgonów na świecie (WHO Statistical Information System, 2009). Istnieje wiele rodzajów żywności funkcjonalnej obniżającej poziom lipidów, które mogłyby pomóc w zapobieganiu i leczeniu CVD.

Działanie żywności funkcjonalnej polega między innymi na obniżaniu poziomu cholesterolu, wzmacnianiu układu odpornościowego i przywracaniu właściwego działania układu pokarmowego. Produkcja żywności funkcjonalnej polega na wzbogacaniu środków spożywczych w substancje bioaktywne lub eliminacji związków niepożądanych, a także na stosowaniu zamienników składników niepożądanych, np. tłuszczu.

Do najczęściej spotykanych tego typu produktów należą fermentowane produkty mleczne lub zawierające dodatek bakterii probiotycznych, tłuszcze do smarowania pieczywa zawierające estry fitosteroli i fitostanoli, napoje wzbogacone o zawartość witamin A, C i E lub wapń i magnez, wołowina wzbogacona w skoniugowany kwas linolowy (CLA), jaja wzbogacone w wielonienasycone kwasy tłuszczowe z rodziny *n-3*. Przykładem żywności funkcjonalnej może być produkt wzbogacony w wapń i w ten sposób hamujący rozwój osteoporozy lub produkt zawierający zwiększoną ilość błonnika, co może przeciwdziałać rozwojowi nowotworu jelita grubego.

Dotychczasowe wyniki badań wskazują także na zmienność w odpowiedzi na żywność funkcjonalną, która prawdopodobnie ma związek z dawką bądź proporcją związku bioaktywnego, czasem trwania obserwacji, stanem zdrowia, dietą oraz innymi czynnikami (Stover i Caudill, 2008).

Badania nutrigenomiczne opisują zarówno wpływ diety na ekspresję genów, jak i wpływ zmienności genetycznej na odpowiedź na dietę. Po pierwsze, skutki działania diety na ekspresję genów dotyczą zmian w tempie transkrypcji różnych genów z powodu obecności specyficznych składników bioaktywnych. Po drugie, zmienność genetyczna, jak np. polimorfizm pojedynczego nukleotydu (SNP) występuje w regionach promotorowych ogromnej liczby genów. Niektóre z SNP-ów wpływają na aktywność transkrypcyjną genów skutkując wewnątrzsobniczymi różnicami w ilości białka produkowanego przez gen. Inne SNP-y mogą wpływać na funkcję genu, np. powodując zmianę jego strukturalnych, a tym samym funkcjonalnych własności (Johnson i Bielschaw, 2008).

Molekularne mechanizmy działania bioaktywnych składników diety

Analizując molekularne mechanizmy działania bioaktywnych składników diety, należy uwzględnić fakt, że mogą być one metabolizowane w zróżnicowany sposób ze względu na istnienie tzw. polimorfizmów genetycznych. Identyfikacja, klasyfikacja i charakterystyka tych polimorfizmów jest zadaniem nutrigenetyki. Niezależnie od polimorfizmów genetycznych, bioaktywne składniki działają przynajmniej na dwóch poziomach procesu ekspresji genów:

- jako czynniki regulujące strukturę chromatyny, co decyduje o aktywacji lub represji procesu transkrypcji

- jako czynniki regulujące w sposób bezpośredni aktywność receptorów jądrowych i pośrednio poziom transkrypcji genów kontrolowanych przez receptory, które działają jako czynniki transkrypcyjne. Istnieje także wiele danych świadczących o wpływie bioaktywnych składników diety na efektywność procesów naprawy DNA i stabilność genomu (Fenech, 2008).

Wpływ składników diety na epigenetyczną regulację ekspresji genów

Epigenetyka – oznacza dziedziczne zmiany w organizacji chromatyny i ekspresji genów, które nie są zakodowane w sekwencji genów. Zmiany w ekspresji genów są wywoływane przez szeroko rozumiane sygnały z otoczenia, w tym przez bioaktywne składniki diety (Jaenisch i Bird, 2003). O stopniu aktywności transkrypcyjnej genu decyduje poziom metylacji DNA oraz modyfikacje białek histonowych wchodzących w skład chromatyny. Metylacji podlega około 75% reszt cytozyny występującej w dinukleotydocowych sekwencjach CpG. Spośród kilku znanych metylotransferaz DNA, DNMT3B są odpowiedzialne za metylowanie DNA w procesie embriogenezy, ponieważ po zapłodnieniu i utworzeniu zygoty następuje znaczna demetylacja DNA zygoty wniesionego przez gamety, po czym począwszy od etapu blastocysty następuje tkankowo specyficzna metylacja *de novo*. Z tego powodu we wczesnym etapie embriogenezy dieta matki i środowisko mogą mieć duży wpływ na profil metylacji, a zaburzenia tego procesu mogą prowadzić do utrwalenia nieprawidłowego profilu metylacji DNA. Nieprawidłowa metylacja DNA polega na hipermetylacji lub hipometylacji sekwencji CpG. Hipermetylacja prowadzi do represji transkrypcji, natomiast hipometylacja wywołuje aktywację transkrypcji tych genów, które powinny pozostać wyciszone (Moss i Wallrath, 2007). Profil metylacji DNA zmienia się pod wpływem diety, polimorfizmów pojedynczego nukleotydu w określonych genach oraz ekspozycji na czynniki środowiskowe. Niedobory kwasu foliowego, metioniny lub selenu mogą powodować hipometylację DNA, co z kolei może prowadzić do niewłaściwej ekspresji genów oraz niestabilności genetycznej (Fenech i in., 2005).

Nieprawidłowy profil modyfikacji DNA oraz histonów może być przyczyną wielu chorób, począwszy od chorób nowotworowych, przez metaboliczne, a kończąc na chorobach neurodegeneracyjnych (Herceg, 2007). Zainteresowanie epigenetyczną regulacją transkrypcji wynika nie tylko z przyczyn poznawczych, ale także poszukiwania nowych rodzajów terapii. Wiele składników diety w sposób bezpośredni lub pośredni wpływa na proces modyfikacji histonów lub metylacji DNA, co prowadzi do zmian w strukturze chromatyny, odpowiedzialnych za hamowanie lub aktywację procesu transkrypcji genów (Kirk i in., 2008). Fakt, że bioaktywne składniki diety

pełnią funkcję nie tylko surowca do produkcji energii, ale odgrywają podstawową rolę w procesie regulacji ekspresji genów nietrudno wyjaśnić na gruncie teorii ewolucji. Genomy zwierząt, a w ciągu ostatnich kilku milionów lat także genomy ludzkie, były narażone na działanie substancji pochodzenia roślinnego lub zwierzęcego, toteż wiele genów człowieka ewaluowało w sposób zależny od tych związków i w odpowiedzi na ich obecność w diecie (Reik i in., 2001).

Wielonienasycone kwasy tłuszczowe PUFA

Do niedawna uważano, że kwasy tłuszczowe pełnią wyłącznie funkcję materiału energetycznego, gromadzonego w postaci triacylogliceroli w tkance tłuszczowej oraz elementów budujących błony komórkowe. Tymczasem badania przeprowadzone w okresie ostatnich dziesięciu lat wykazały, że kwasy tłuszczowe to także bardzo aktywne biologicznie związki, pełniące kluczową rolę w regulacji takich procesów jak: acylacja i sortowanie białek, aktywacja enzymów i receptorów błonowych, proliferacja i różnicowanie komórek oraz tworzenie odpowiedzi immunologicznej (Deckelbaum i in., 2006). Ze względu na liczbę wiązań podwójnych w łańcuchu węglowym, kwasy tłuszczowe dzieli się na: nasycone kwasy tłuszczowe (SFA), jednonienasycone kwasy tłuszczowe (MUFA) oraz wielonienasycone kwasy tłuszczowe (PUFA). Wśród PUFA wyróżnia się kwasy *n-3* i *n-6* (zwane też omega-3 i omega-6), różniące się numerem węgla, przy którym występuje pierwsze podwójne wiązanie licząc od końca łańcucha węglowego tj. grupy metylowej. Wewnątrzkomórkowe kwasy tłuszczowe mogą pochodzić z trzech głównych źródeł: z diety, lipolizy zmagazynowanych w tkance tłuszczowej triacylogliceroli lub z syntezy *de novo*. Niezależnie od źródła pochodzenia, w komórce kwasy tłuszczowe są przekształcane w acylo-CoA, a następnie wykorzystywane do syntezy lipidów złożonych takich jak: triacyloglicerole, fosfolipidy, sfingolipidy, eikosanoidy lub utleniane w procesie β -oksydacji (w mitochondriach i peroksysomach) lub ω -oksydacji (w mikrosomach). Wolne kwasy tłuszczowe pełnią funkcję związków sygnałowych i regulują aktywność czynników transkrypcyjnych. Liczne badania wykazały, że efekt ich działania, polegający na hamowaniu lub aktywacji ekspresji określonych genów, uzależniony jest głównie od liczby podwójnych wiązań oraz długości łańcucha węglowego (Jump, 2004). Stąd wszelkie zaburzenia w procesie utylizacji, elongacji lub/i desaturacji kwasów tłuszczowych, jak również nieprawidłowa dieta (nadmiar lub niedobór podstawowych kwasów tłuszczowych), prowadzą do poważnych zaburzeń funkcjonowania komórki (Weymann i Schneiter, 2008).

Na szczególną uwagę zasługują długołańcuchowe kwasy tłuszczowe z rodziny *n-3* PUFA, a zwłaszcza kwasy: eikozapentaenowy (EPA) oraz dokozaheksaenowy (DHA), które występują w wysokich stężeniach w tłuszczu ryb. Liczne badania epidemiologiczne sugerują, że konsumpcja LC PUFA *n-3* obniża ryzyko CVD. Efekty LC PUFA *n-3* są prawdopodobnie związane ze zmianami w ekspresji genów (poprzezdzającymi zmiany w składzie błony), które odbywają się na zasadzie bezpośredniej kontroli aktywności jądrowych czynników transkrypcyjnych. Alfa-receptor aktywowany przez proliferatory peroksysomów (PPAR- α) jest jądrowym czynnikiem transkrypcyjnym regulującym aktywność wielu genów zaangażowanych w metabolizm energii, glukozy i lipidów. Jednakże badania dowiodły, że PPAR- α nie jest jedynym

czynnikiem transkrypcyjnym związanym z wpływem kwasów tłuszczowych na transkrypcję genów (Rudkowska i in., 2009). Stwierdzono, że dodatkowo kilka innych czynników transkrypcyjnych jest regulowanych działaniem kwasów tłuszczowych, łącznie z PPAR- γ , wątrobowym czynnikiem jądrowym-4 α (HNF-4 α), białkiem wiążącym sekwencję odpowiedzi na sterole (SREBP), wątrobowym receptorem typu X (LXR- α i β), receptorem retinoidowym X (RXR- α) oraz czynnikiem jądrowym- κ B (NF- κ B) (Calder, 2005). Reasumując, suplementacja PUFA *n-3* wpływa na ekspresję genów na drodze oddziaływania na wiele kluczowych jądrowych czynników transkrypcyjnych.

Kwasy tłuszczowe LC PUFA *n-3* i ekspresja genów

Działanie LC PUFA *n-3* na metabolizm lipidów jest prawdopodobnie spowodowane zmianą w ekspresji genów. Kwasy tłuszczowe i ich pochodne są naturalnymi ligandami jądrowego receptora PPAR- α , który tworzy heterodimery z RXR przed uruchomieniem ekspresji docelowych genów (Kersten 2008). Do szczególnych genów docelowych zalicza się lipazę lipoproteinową (LPL) (Michaud i Renier, 2001), centralny enzym w metabolizmie trójglicerydów oraz apolipoproteinę A1 (apo-A1) (Vu-Dac i in., 1994), kluczowy element strukturalny lipoprotein o wysokiej gęstości (HDL). Kwasy tłuszczowe PUFA *n-3* wiążą się do receptora PPAR- α i mają zdolność obniżania poziomu trójglicerydów (TG) oraz podnoszenia poziomu cholesterolu HDL w osoczu.

LC PUFA *n-3* wykazują również silne działanie przeciwzapalne: są supresorami występującej w osoczu interleukiny 1 β (IL-1 β), czynnika martwicy nowotworu- α (TNF- α) oraz interleukiny 6 (IL-6). Uważa się, że LC PUFA *n-3* mogą wywierać wpływ na ekspresję genów odpowiedzialnych za stan zapalny na drodze bezpośredniego działania na wewnątrzkomórkowe szlaki sygnałowe, które prowadzą do aktywacji jednego lub więcej czynników transkrypcyjnych, jak np. PPAR- α czy NF- κ B (Calder, 2005). Jednakże taki efekt udokumentowano jedynie w przypadku niewielkiej liczby badań *in vitro* i wobec tego skutki działania *in vivo* nie są jeszcze dostatecznie poznane. Liczne badania opisują wpływ LC PUFA na ekspresję genów kodujących leptynę i rezystynę, hormony wydzielane przez tkankę tłuszczową. Raclot i in. (1997) wykazali, że szczury karmione LC PUFA *n-3* mają zmniejszony poziom mRNA leptyny w trzewnej a nie w podskórnej tkance tłuszczowej, niezależnie od poziomu insuliny we krwi. Ze względu na to, że kwasy tłuszczowe są niezwykle silnymi aktywatorami genów odpowiedzialnych za adipogenezę, warunkują one różnicowanie się adipocytów.

Wyniki badań sugerują, że długołańcuchowe kwasy PUFA *n-3* mogą silnie oddziaływać na ekspresję wielu genów związanych z metabolizmem lipidów i stanem zapalnym. Szczegółowe porównanie tempa ekspresji po zmianie diety, polegającej np. na suplementacji LC PUFA *n-3*, pozwala zidentyfikować sieci takich genów oraz szlaki przekazywania sygnału.

Kwasy tłuszczowe PUFA *n-3* i polimorfizm genów

Wiele doniesień naukowych sugeruje, że zmienność w obrębie genów kodujących białka PPAR- α , PPAR- γ , apolipoproteinę (apo) A1, apo A4, apo B, apo E, apo

C3, LPL, lipazę wątrobową, lipazę śródbłonkową, wątrobowe białko wiążące kwasy tłuszczowe, receptory (beta)3-adrenergiczne i adipsynę przyczynia się do niejednorodnej odpowiedzi lipidowej na określoną dietę (Masson i in., 2003; Masson i McNeill, 2005). Jednakże stosunkowo mało opisanych badań skupiło się na wpływie diety bogatej w PUFA uwzględniając również zmienność genetyczną badanych osób.

Jedną z najczęściej badanych zmienności genetycznych z uwzględnieniem LC PUFA *n-3* to zmienność genu kodującego PPAR- α . W obrębie tego genu opisano kilka polimorfizmów, m.in. L162V. W licznych doświadczeniach wykazano, że polimorfizm PPAR- α L162V jest związany z otyłością oraz zmianą wielu parametrów metabolicznych (Flavell i in., 2000; Sparso i in., 2007; Tanaka i in., 2007). Wyniki ostatnich badań *in vivo* sugerują także, że oba warianty alleliczne PPAR- α L162V są aktywowane przez LC PUFA *n-3*, jednakże po inkubacji z LC PUFA *n-3* forma zmutowana wykazuje niższą aktywność transkrypcyjną, niż jej dziki odpowiednik (Rudkowska i in., 2009). Tai i in. (2005) ustalili także, że wpływ polimorfizmu L162V na stężenie trójglicerydów i apo C3 w osoczu zależy od PUFA (przyjmowanie PUFA w dużych ilościach powodowało obniżenie poziomu TG u osobników z allelem V162-PPAR- α). Doświadczenie przeprowadzone przez Paradis i in. (2005) pokazało, że międzyosobnicza zmienność w poziomie całkowitego cholesterolu, apo-A1 i cholesterolu w cząsteczkach lipoprotein o niskiej gęstości (LDL) zaobserwowana po modyfikacji stosunku PUFA do nasyconych kwasów tłuszczowych w diecie, jest po części związana z polimorfizmem L162V PPAR- α . Ponieważ *n-3* PUFA są najsilniejszymi ligandami dla PPAR- α , ostatnie badania dotyczyły wpływu suplementacji PUFA *n-3* na polimorfizm PPAR- α L162V (Caron-Dorval i in., 2008). Suplementacja PUFA *n-3* spowodowała obniżenie poziomu trójglicerydów w przypadku obydwu genotypów. Jednakże zaobserwowano interakcję pomiędzy tym składnikiem a genem dla stężenia białka C-reaktywnego (CRP) w osoczu (Caron-Dorval i in., 2008). Reasumując, wyniki powyższych badań pokazują, że polimorfizm PPAR- α L162V przyczynia się do międzyosobniczej zmienności związanej z czynnikami ryzyka CVD w odpowiedzi na PUFA *n-3*.

Inne badania pokazały relację między różnymi polimorfizmami jednego nukleotydu (SNP) i suplementacją *n-3* PUFA. Gen kodujący apo-A1 jest wysoce polimorficzny i polimorfizm pojedynczego nukleotydu (SNP) –75G/A był szeroko badany w związku ze zmiennością w stężeniu apo A1 i cholesterolu HDL w surowicy. Ordo vas i in. (2002) zaobserwowali interakcję pomiędzy dodatkiem PUFA *n-3* a genem związaną z polimorfizmem apo-A1, polegającym na zamianie guaniny na adeninę (G-A). Polimorfizm pojedynczych nukleotydów zidentyfikowano również w regionie promotorowym genu kodującego apo-C3. W szczególności polimorfizm T455C fragmentu genu apo-C3 związanego z odpowiedzią na insulinę wykazał wpływ na stężenie trójglicerydów i białka apo-C3 (Olivieri i in., 2005). Polimorfizm apoE, wielonienasyconych kwasów tłuszczowych oraz ich wpływ na metabolizm lipidów nie były przedmiotem badań, pomimo że apoE jest jednym z najintensywniej badanych genów związanych z metabolizmem lipidów. W próbach klinicznych stwierdzono, że genotyp apoE może po części determinować zmiany w składzie krwi pod wpływem dodatku oleju rybnego do diety oraz że wzrost stężenia cholesterolu LDL może być dużo bardziej widoczny u osób posiadających allel apoE4 (Minihane i in., 2000).

Doniesienia na temat wpływu zmienności genetycznej na metabolizm lipidów nie są jednoznaczne. Przyszłe badania powinny być przeprowadzone na dużo większych próbach, a dawki PUFA *n-3* podawanych w diecie, ściśle kontrolowane. Badania powinny dotyczyć wpływu polimorfizmu wielu, a nie tylko pojedynczych genów.

Wprowadzanie do diety wielonienasyconych kwasów tłuszczowych odgrywa ważną rolę podczas występowania objawów chorobowych, szczególnie u osób z nietypowym profilem genetycznym. Jednakże wpływ LC PUFA *n-3* na produkcję cytokin odpowiedzialnych za wielkość i typ odpowiedzi immunologicznej jest niejasny. Wyniki tylko 6 z 12 badań analizujących wpływ rybiego oleju na produkcję TNF- α przez komórki jednojądrzaste krwi obwodowej (PBMC) od zdrowych osób wskazują na efekt hamujący (Grimble i in., 2002). Rozbieżności te mogą być tłumaczone kwestią różnic we wrodzonej produkcji TNF- α oraz polimorfizmem w genach kodujących TNF- α i limfotoksyny (Grimble i in., 2002). Badania Markovica i in., (2004) dowiodły, że zdolność PUFA *n-3* do obniżania poziomu lipidów i działania przeciwzapalnego jest związana z obecnością allelu +252A limfotoksyny-alfa (TNF- β) oraz wskaźnikiem masy ciała (BMI). Idąc dalej, interleukina-1 beta jest ważną cytokiną, która posiada wiele funkcji, m.in. działa zdecydowanie prozapalnie oraz zwiększa ekspresję molekuł adhezyjnych. Shen i in. (2007) zasugerowali, że warianty genetyczne w obrębie IL-1 β mają związek ze wskaźnikami przewlekłego stanu zapalnego i ryzykiem syndromu metabolicznego. Pełne zrozumienie genomicznych zdolności PUFA *n-3* do działania jako czynnik przeciwzapalny umożliwi bardziej efektywne stosowanie suplementacji PUFA *n-3* w ograniczaniu stanów zapalnych jak i obniżaniu parametrów lipidowych.

Sterole roślinne

Fitosterole (PS) są II-rzędowymi alkoholami sterydowymi, których budowa oparta jest na szkielecie steranu (1,2-cyklopentanoperhydrofenantren). Zawierają jedno lub dwa wiązania etylenowe, II-rzędową grupę alkoholową i łańcuch boczny. Należą do związków lipofilnych. Do fitosteroli zaliczamy: ergosterol, stigmasterol, sitosterole, lanosterol, sapogeniny, witanolidy, kampesterol, brassicasterol, alfa-spinasterol, fukosterol, zymosterol, askosterol i inne. Główne sterole olejów roślinnych to: β -sitosterol, kampesterol, stigmasterol, brassicasterol, avenasterol (Mińkowski, 2008). W większości olejów ogólna zawartość fitosteroli wynosi 400 do 800 mg/100 g (Nawar, 1996; Rudzińska i in., 2001). Sterole roślinne mają różne właściwości biologiczne, w zależności od liczby i charakteru podstawników bocznych, szczególnie przy węglu 17 (17C). Fitosterole typu stigmasterol i sitosterol mają budowę podobną do cholesterolu, progesteronu, pregnenolonu i 17-hydroksypregnenolonu. Dzięki temu sterole roślinne podawane przez dłuższy czas stanowią prekursor w syntezie pregnenolonu, który jest podstawowym substratem do biosyntezy progestagenów. Pregnenolon podlega przemianom zmierzającym do powstania wszystkich hormonów sterydowych. Te reakcje biochemiczne są katalizowane przez cytochrom P-450.

Wykazano, że fitosterole (PS) redukują poziom cholesterolu LDL o 10% (AbuMweis i Jones, 2008), utrudniając jego absorpcję, a tym samym zmniejszając ryzyko zachorowań na CVD. Uważa się, że działanie steroli roślinnych na obniżenie po-

ziomu cholesterolu we krwi odbywa się na drodze współzawodniczenia cholesterolu pochodzącego z diety i cholesterolu zawartego w żółci o wchłanianie w jelicie. Przyjmuje się, że pozytywne działanie PS jest po części związane ze zwiększoną aktywnością białek transportowych posiadających kasetę wiążącą ATP (transportery ABC): ABCG5 i ABCG8 lub też spowodowanym działaniem PS w ograniczeniu wchłaniania cholesterolu w jelicie może pośredniczyć spadek poziomu białek NPC1L1.

Sterole roślinne i ekspresja genu

Wyniki dotychczasowych badań wskazują, że zdolność steroli roślinnych do obniżania poziomu cholesterolu nie jest związana ze zmianami w poziomie ekspresji genów kodujących jelitowe transportery steroli ABC lub białka NPC1L1 (Madden i in., 2008). Sugeruje się, że sterole roślinne mają wpływ na wątrobowe białko SREBP2 (Sterol Regulatory Element Binding Protein 2), estryfikację cholesterolu oraz agregację lipoprotein (ACAT, apo B), internalizację cholesterolu (ANXA2), syntezę cholesterolu (reduktaza HMG-CoA, reduktaza C24) oraz usuwanie lipoprotein zawierających apoB-100 (LDLr) (Calpe-Berdiel i in., 2008; Madden i in., 2008). Wpływ spożywania steroli roślinnych na powyższe procesy fizjologiczne *in vivo* pozostaje dotychczas niewyjaśniony.

Sterole roślinne i polimorfizm genów

Sterole roślinne (PS) wprowadzone do diety obniżają poziom cholesterolu LDL, jednakże zaobserwowano dużą zmienność w odpowiedzi lipidowej na podanie PS. Ostatnio opublikowane dane pokazują, że przyjmowanie PS nie obniża tempa wchłaniania cholesterolu w takim samym stopniu u wszystkich osób, co prawdopodobnie jest spowodowane międzyosobniczą zmiennością w efektywności obniżania cholesterolu (Rudkowska i in., 2008). Stwierdzono, że polimorfizm w genach *ABCG8* i *ABCG5* jest związany z kilkoma komponentami metabolizmu cholesterolu (Rudkowska i Jones, 2008). Wykazano też, że gen kodujący białko NPC1L1, jelitowy transporter cholesterolu, odgrywa kluczową rolę w metabolizmie steroli roślinnych (Simon i in., 2005). W ostatnich badaniach założono, że polimorfizm pojedynczych nukleotydów (SNP) w sekwencjach genów kodujących *ABCG5* i *G8*, *NPC1L1* oraz innych protein biorących udział w szlaku cholesterolowym może leżeć u podłoża międzyosobniczej zmienności w odpowiedzi na sterole roślinne. Plat i in. (2005) wykazali, że zmienność genetyczna w *ABCG8* i *C1289A* wyjaśnia różnice w stężeniu PS w surowicy oraz osobniczej odpowiedzi na zmiany tego stężenia w trakcie podawania PS. Podobnie Zhao i in. (2008) udowodnili, że u osób posiadających allel A w przypadku polimorfizmu *ABCG8*, *C1289A* i posiadających wysokie podstawowe stężenie PS w osoczu, dochodzi do większego obniżenia poziomu cholesterolu LDL niż u osób z niskim stężeniem PS. Dodatkowo osoby posiadające zmutowany allel w haplocyocie *NPC1L1* (*C872G* i *G3929A*), wykazywały znaczne obniżenie poziomu cholesterolu LDL w porównaniu z typem dzikim. Gylling i in. (2008) wykazali, że obniżanie poziomu cholesterolu w surowicy na zasadzie inhibicji absorpcji nie jest związane z polimorfizmem pojedynczych nukleotydów (SNP) w genach *ABCG5* i *ABCG8*. Polimorfizm w obrębie genu kodującego apo E jest najlepiej poznanym spośród polimorfizmów genów związanych z dietą i poziomem lipidów (Bennet i in., 2007). Sanchez-Maniz

i in. (2008) zbadali odpowiedź na sterole roślinne w zależności od genotypu *apo E* i doszli do wniosku, że stosowanie PS u osobników posiadających allel *apo E4* mija się z celem, gdyż nie zaobserwowano u nich obniżenia poziomu TC, cholesterolu LDL ani *apo B*. Inne badania pokazały, że obniżenie poziomu TC i LDL na zasadzie proporcjonalnego ograniczenia absorpcji cholesterolu w wyniku stosowania steroli roślinnych jest najbardziej efektywne właśnie w przypadku osobników z allelem *apo E4* (Miettinen i Vanhanen, 1994). Wyniki kolejnych badań nie wykazały żadnych różnic pomiędzy polimorfizmem genów kodujących *apo A-IV*, receptorami zmiataczy (Scavenger Receptors) klasy B typu I (SRBI), reduktazą 3 hydroksy-3-metylo-glutarylo-CoA (HMG-CoA), białkiem przenoszącym estry cholesterolu (CETP) czy *apo E*, w odpowiedzi na dietę bogatą w sterole roślinne (Plat i Mensink, 2002). Reasumując, nie znaleziono jasnej i jednoznacznej korelacji między zmiennością genetyczną obrębie wymienionych genów a odpowiedzią na konsumpcję steroli roślinnych.

Zmienność w odpowiedzi lipidowej na sterole roślinne jest prawdopodobnie uwarunkowana poligenowo. Dlatego też niewielki efekt jednego polimorfizmu może być zagłuszany przez inne polimorfizmy. Konstrukcja haplotypów będących kombinacją polimorfizmów pojedynczych nukleotydów może uwydatnić efekty stosowania PS, które nie są możliwe do zaobserwowania w przypadku analizy tylko pojedynczych SNP. Użycie jednocześnie genetycznych oraz fenotypowych biomarkerów może prognozować międzyosobniczą odpowiedź w poziomie lipidów na podanie PS i dzięki temu pomóc w opracowaniu indywidualnych strategii obniżania poziomu cholesterolu.

Flawonoidy

Flawonoidy należą do bioaktywnych przeciwutleniaczy szeroko rozpowszechnionych w świecie roślinnym. Występują w nadziemnych częściach roślin, niejednokrotnie nadając barwę kwiatom czy owocom w zakresie od żółtej do czerwonej i fioletowej. Bogatym źródłem flawonoidów są warzywa, owoce, nasiona różnych roślin, niektóre zboża, a także wino, zwłaszcza czerwone, herbata, kawa, soki owocowe oraz wiele przypraw i ziół. Flawonoidy określano dawniej jako witaminę P (rutyna), a ze względu na budowę chemiczną zaliczane są do polifenoli. Polifenole występujące w roślinach koegzystują z innymi naturalnymi przeciwutleniaczami m.in.: karotenoidami, witaminą C i tokochromanolami (Manach i in., 2005). Najwyższą aktywnością antyoksydacyjną charakteryzują się flawonoidy herbaty, następnie glikozydy cyjanidyn, a potem kwercetyna, rutyna i inne. Szczególnie bogatym źródłem flawonoidów są owoce roślin jagodowych (porzeczki czarne i maliny), a najbogatszym źródłem flawonoidów są owoce aronii czarnoowocowej (Holden i in., 2002). Struktura flawonoidów oparta jest na układzie jonu flawyliowego, składającego się z dwóch pierścieni fenylowych i zwykle trzeciego heterocyklicznego z atomem tlenu, jako skondensowanego z pierwszym pierścieniem fenylowym. Związki te mogą występować samodzielnie, jako aglikony lub w połączeniu z cukrami, jako tak zwane glikozydy flawonoidowe. W części cukrowej najczęściej występuje glukoza, a także galaktoza, ramnoza, ksyloza i arabinoza. W obrębie poszczególnych klas istnieje duże zróżnicowanie pod względem liczby i lokalizacji grup hydroksylowych (OH), tworzenia grup

metoksylowych (OCH₃) i powstawania reszt glikozydowych. Związki flawonoidowe są składnikiem codziennej diety i dzienne ich spożycie wynosi średnio 1–2 g.

W przewodzie pokarmowym aglikony flawonoidowe ze względu na swój hydrofobowy charakter mogą być transportowane (wchłaniane) przez błony komórkowe na drodze dyfuzji biernej. Natomiast połączenie z cukrem w postać glikozydową zmienia charakter związku na bardziej hydrofilny, co zmniejsza możliwość dyfuzji. β -glukozydazy, występujące w nabłonku jelita cienkiego, umożliwiają wchłanianie wolnych aglikonów poprzez rozszczepienie wiązania β -glikozydowego (Grotewold, 2005). Metabolizm flawonoidów zachodzi już częściowo w jelicie cienkim a głównie w wątrobie w cytochromach P 450, przy udziale enzymów I fazy i II fazy, gdzie zachodzi szereg reakcji chemicznych (hydroksylacja, demetylacja, O-metylacja, sprzężanie z kwasem glukuronowym lub siarkowym) (Hodek i in., 2002). Produkty metabolizmu związków flawonoidowych wydalane są z moczem oraz z żółcią. Metabolity flawonoidów włączając się w krążenie jelitowo-wątrobowe przedłużają swoją aktywność biologiczną. Niewchłonięte oraz wydzielone z żółcią metabolity flawonoidów są przetwarzane przez mikroflorę jelitową, głównie w jelicie grubym. Enzymy bakteryjne mogą katalizować reakcje, takie jak hydroliza glukuronidów, siarczanów i glikozydów, dehydroksylacja, demetylacja, redukcja wiązania podwójnego, rozkład pierścienia C z utworzeniem fenolokwasów, a następnie ich dekarboksylacja (Hodek i in., 2002).

Flawonoidy i ekspresja genu

Wśród związków pochodzenia roślinnego jest wiele takich, które modulują aktywność metylotransferaz DNA (DNMT). Jednym z nich jest gallusan epigalokatechiny (EGCG), który uznawany jest za najbardziej aktywnego przedstawiciela tzw. polifenoli zielonej herbaty. W wielu eksperymentach wykazano, że związek ten hamuje DNMT wiążąc się bezpośrednio z centrum aktywnym enzymu (Yang i in., 2008). Również inne katechiny i polifenole hamują aktywność metylotransferaz DNA, wśród nich katechina, epikatechina oraz kwercetyna, fisetina, myricetyna i inne (Mathers, 2006; Johnson i Belshaw, 2008). Prawdopodobnie aktywność tych związków wynika stąd, że konkurują one z cytozyną o grupy metylowe, co może prowadzić do uszczerplenia puli donorów grup metylowych i zaburzeń w procesie metylacji DNA.

Flawonoidy posiadają bardzo szerokie spektrum oddziaływania na organizm. Wyniki badań potwierdzają antyrakowe działanie flawonoidów (Li i in., 2007). Mogą one hamować podziały komórkowe, indukować samobójczą śmierć komórek (apoptozę), hamować tworzenie nowych naczyń krwionośnych (angiogenezę) i tworzenia przerzutów nowotworów (metastazę). Stwierdzono terapeutyczne efekty działania flawonoidów na komórki białaczkowe we krwi ludzkiej. Badania Feng i in. (2007) dowodzą o antyrakowym działaniu flawonoidów, wśród których najefektywniejszą reakcją cechował się wyciąg antocyjanów z kapusty czerwonej. Zbadanie związków polifenolowych zawartych w winogronach i winach, dowiodło że hamują one peroksydację lipidów błon komórkowych, chronią LDL przed utlenianiem a także zwiększają poziom HDL, działają przeciwzapalnie, przeciwdziałają miażdżycy naczyń. Resweratrol występujący np. w czerwonym winie gronowym jest aktywatorem enzymu SIRT1 należącego do tzw. sirtuin (SIRT 1-7), które są określane jako deacetylazy

białkowe, ponieważ spectrum ich substratów wykracza daleko poza histony (North i Verdin, 2004). Sirtuina SIRT1 obniża aktywność białka p53, deacetyluje receptor PPAR γ oraz jego koaktywator 1 α , co ułatwia metabolizm tłuszczów. Białka te są ulokowane w różnych przedziałach subkomórkowych, jak np. mitochondria (SirT3–5), jądro komórkowe (SirT1, 2, 6 i 7) oraz cytoplazma (SirT1 i SirT2). SirT1 jest zależną od NAD⁺ deacetylazą histonów, która odgrywa istotną rolę w przebudowie chromatyiny związanej z długowiecznością (Guarente i Picard, 2005). SirT1 jest także zaangażowany w regulację kilku czynników transkrypcyjnych łącznie z FoxO1 (Sharma i in., 2006; Mukherjee i in., 2009). Wyniki przytoczonych wyżej doświadczeń świadczą również o aktywacji SirT3 i SirT4, które są zlokalizowane w mitochondriach, gdzie regulują procesy starzenia na drodze metabolizmu energii. PBEF (fosforybocylotransferaza nikotynamidowa), zaopatruje SirT1 (zależną od NAD⁺ deacetylazę histonów) w NAD⁺. Wydaje się, że resweratrol aktywuje nie tylko SirT1, ale także PBEF, która może wtedy dostarczyć NAD⁺ do SirT1. Związana z PBEF aktywacja SirT1 sprzyja przeżywaniu komórki i długowieczności na drodze szlaku SirT1-FoxO (Lekli i in., 2009). Ponadto SIRT1 korzystnie reguluje sekrecję insuliny oraz zwiększa liczbę i wielkość mitochondriów, aktywując metabolizm komórkowy. Resweratrol mógłby pomóc w zapobieganiu otyłości oraz negatywnym objawom starzenia, ale niska jego biodostępność i możliwość oddziaływania z wieloma innymi niż SIRT1 cząsteczkami ogranicza jego aktywność biologiczną.

Witaminy i pierwiastki śladowe

Witaminy są niezbędnymi do życia związkami organicznymi o zróżnicowanej budowie, spełniającymi w żywym organizmie ważne funkcje biologiczne, przede wszystkim katalityczne, stanowiącymi dla człowieka oraz zwierząt substancje egzogenne. Ze względu na niewielką zawartość witamin w produktach spożywczych, można zaliczyć do grupy mikroskładników żywności. Charakteryzują się one wysoką aktywnością biologiczną, biorą udział w większości przemian metabolicznych w organizmie, są odpowiedzialne za prawidłowe funkcjonowanie organizmu. Źródłem witamin w przyrodzie są przede wszystkim rośliny, a w drugiej kolejności – mikroorganizmy.

Drugą ważną grupą związków biorących udział w procesach enzymatycznych oraz odpowiedzialnych za odczyn płynów ustrojowych, gospodarkę wodną oraz ciśnienie osmotyczne w płynach ustrojowych i tkankach są makro- i mikro-elementy. W ostatnich latach duże zainteresowanie budzi poznanie roli pierwiastków m.in. wapnia, magnezu, manganu, miedzi i selenu w mechanizmach molekularnych i ich wpływ na genom ludzi oraz zwierząt (Witte i in., 2001). Powszechnie wiadomo, że procesy syntezy i naprawy DNA są regulowane przez niektóre witaminy i związki mineralne (Kaput i Rodriguez, 2004) (tab. 1). Dotychczasowe badania wykazały, że kwas foliowy, selen, a także arsen mają wpływ na poziom metylacji DNA (Mathers, 2006). Kwas foliowy jest niezbędny do normalnej syntezy DNA, ponieważ konwersja deoksyurydylanu do tymidylanu wymaga redukcji 5,10-metylenotetrahydrofolianu do 5-metylotetrahydrofolianu katalizowanej przez reduktazę metylenotetrahydrofolianową (MTHFR). Efektem niskiego poziomu kwasu foliowego może być również zaburzona metylacja DNA i wzrost uszkodzeń genomu (Fenech, 2001). Dieta pozbawiona kwa-

su foliowego, metioniny jako prekursora S-adenozylometioniny, która jest donorem grup metylowych, choliny i witaminy B12 prowadziła u zwierząt doświadczalnych do hipometylacji DNA wielu genów, jak również do hipermetylacji DNA niektórych genów w hepatocytach (Davis i Uthus, 2003). W połowie lat 90. XX wieku dostrzeżono związek pomiędzy polimorfizmami SNP w genie kodującym MTHFR (C677T oraz A1298C), obniżoną aktywnością tego enzymu oraz deficytem donorów grup metylowych (Johnson i Belshaw, 2008).

Wyniki badań *in vitro* i *in vivo* wskazują, że poziom metylacji DNA zależy także od selenu. Dieta pozbawiona selenu prowadzi do hipometylacji DNA w wątrobie i jelicie grubym. Mechanizmy działania selenu nie są dokładnie poznane. Wzrost poziomu selenu zmniejsza poziom homocysteiny i korzystnie zmienia stosunek S-adenozylometioniny (SAM) i S-adenozyllocysteiny (SAH), co z kolei zwiększa efektywność procesu metylacji cytozyny (Davis i Uthus, 2003).

Zdefiniowanie optymalnych zakresów stężeń witamin, niezbędnych dla zachowania stabilności genomu jest z pewnością wyzwaniem dla nutrigenomiki. Rekomendowane w przeszłości dzienne dawki witamin miały zapobiegać powstawaniu określonych chorób w przypadku witaminy C – skorbutu, w przypadku kwasu foliowego – anemii, niacyny – pelagry. Przykładem może być witamina E, kojarzona dotychczas raczej jako regulator płodności niż czynnik chroniący DNA przed uszkodzeniami. Tymczasem niedobór witaminy E powoduje wzrost uszkodzeń DNA i zwiększa ryzyko raka jelita grubego (Kaput i Rodriguez, 2004). Natomiast niedobór witaminy D ma wyraźny związek z nowotworami, schizofrenią i stwardnieniem rozsianym (Ames, 2006) (tab. 1).

Wpływ bioaktywnych składników diety na aktywność receptorów jądrowych i regulację transkrypcji

Bioaktywne składniki diety mogą wpływać na proces ekspresji genów w sposób bezpośredni, działając jako ligandy receptorów jądrowych. Białka te występują w cytoplazmie, ale związane z odpowiednimi ligandami wnikają do jądra komórkowego i wiążą się z określonymi sekwencjami nukleotydów w nici DNA w sąsiedztwie promotora. W ten sposób receptory jądrowe stają się czynnikami transkrypcyjnymi, a związane z DNA mogą stanowić rodzaj platformy dla innych białek uczestniczących w procesie regulacji transkrypcji. Są to korepresory hamujące proces transkrypcji lub koaktywatory zdolne do aktywacji tego procesu (Desvergne i in., 2006). Kompleksy receptorów jądrowych i kompresorów pośrednio lub bezpośrednio katalizują procesy modyfikacji białek histonowych wchodzących wraz z DNA w skład chromatyny (deacetylacja, demetylacja, defosforylacja), co prowadzi do jej kondensacji i represji transkrypcji. Jednakże receptory jądrowe mogą także wiązać z koaktywatorami, które z kolei katalizują proces dekondensacji chromatyny. Utworzenie tzw. rozproszonej chromatyny jest niezbędne do rozpoczęcia transkrypcji, ponieważ ogólne czynniki transkrypcyjne i polimeraza RNA muszą mieć dostęp do promotora i innych sekwencji DNA regulujących proces syntezy RNA. Na podstawie analizy genomu ludzkiego i zwierząt wykazano istnienie genów kodujących 48 receptorów jądrowych. Część z nich istnieje w postaci kilku izoform. Część z nich to klasyczne receptory jądrowe o wysokim powinowactwie do ligandów, którymi są m.in. glikokortykoidy, mineralo-

kortykoidy, hormony sterydowe, kwas retinowy, hormony tarczycy oraz witamina D. Niektóre spośród receptorów klasycznych mogą być aktywowane przez bioaktywne składniki diety, np. receptor estrogenów oraz receptor androgenów są aktywowane przez izoflawony soi (genisteinę i daidzeinę), prawdopodobnie ze względu na ich podobieństwo strukturalne do tych hormonów (Steiner i in., 2008).

Analiza bioaktywnych oddziaływań biologicznie czynnych związków pochodzenia roślinnego i receptorów jądrowych jest trudna, a wyniki często niejednoznaczne, ponieważ niektóre substancje, np. izoflawony soi, mogą aktywować kilka różnych receptorów jądrowych. Druga grupa receptorów jądrowych to receptory sensorowe. Mają one niskie powinowactwo do swoich ligandów, ale mogą się wiązać z wieloma substancjami obecnymi w żywności. Do ligandów należą substraty oraz produkty pośrednie i końcowe szlaków metabolicznych, np. kwasy tłuszczowe, oksysterole, eikozanoidy, witaminy a także substancje kancerogenne i toksyny. Z punktu widzenia nutrigenomiki receptory sensorowe są najbardziej interesująca grupa receptorów jądrowych. Są sensorami metabolicznego statusu komórek i organizmu, ale przede wszystkim odpowiadają za metaboliczną adaptację komórek, tkanek, organów i całego organizmu. Do tej grupy należą m.in. receptory PPAR, odpowiedzialne za metabolizm energetyczny oraz receptory LXR, FXR i RXR, odpowiedzialne za metabolizm cholesterolu. Receptorem specyficznym dla steroli i ksenobiotyków jest receptor PXR. Receptory aktywowane proliferatorem peroksymów PPAR α , β , γ kontrolują szlaki metaboliczne odpowiedzialne za metabolizm lipidów. PPAR α jest obecny w tkankach wykazujących wysoką aktywność w procesach degradacji tłuszczów: w wątrobie, mięśniach i brązowej tkance tłuszczowej, podczas gdy PPAR γ jest aktywny w białej tkance tłuszczowej, jelicie, śledzionie i mięśniach. Obecnie wiadomo, że receptory PPAR są aktywowane przez wiele związków chemicznych, do których należą m.in. nienasycone kwasy tłuszczowe, niektóre eikozanoidy, a także herbicydy. Ligandami PPAR α są także fibraty (leki obniżające poziom cholesterolu i trójglicerydów), a ligandami receptora PPAR γ tiazolidinediony, zwiększające wrażliwość wątroby oraz komórek tłuszczowych na insulinę. Działania receptorów PPAR α i PPAR γ są ściśle z sobą powiązane: PPAR α reguluje proces utleniania lipidów w komórkach wątroby, a PPAR γ odpowiada za gromadzenie kwasów tłuszczowych w adipocytach (Desvergne i in., 2006). Na podstawie najnowszych wyników badań wskazuje się, że zaburzenia w funkcjonowaniu receptorów PPAR mają związek nie tylko z cukrzycą i otyłością, ale także indukują stany zapalne (Esposito i in., 2010). Obecnie poszukuje się związków chemicznych, które by miały podwójne działanie, jako antagoniści obu tych receptorów. Bardzo istotne jest badanie zależności między działaniem receptorów PPAR a dietą, chociaż złożoność tych interakcji jest ogromna, a wiedza na ich temat niewielka. Aktywacja receptorów jądrowych prowadzi do inicjacji transkrypcji genów kodujących enzymy odpowiedzialne za metabolizm ksenobiotyków, w tym leków i bioaktywnych składników diety. Istnieją trzy klasy tych enzymów: enzymy katalizujące fazę aktywacji ksenobiotyków (faza I), enzymy odpowiedzialne za detoksykację aktywnych form ksenobiotyków (faza II) oraz enzymy katalizujące eliminację zneutralizowanych, nieaktywnych koniugatów z komórek (faza III). Substratami enzymów fazy I są m.in. te same związki, które są ligandami receptorów jądrowych. Produkty działania enzymów fazy I stają się substratami enzymów

fazy II, a utworzone przez nie koniuganty są rozpoznawane jako substraty przez białka fazy III. W ten sposób niewielkie ilości ksenobiotyków, różnego rodzaju produktów pośrednich i metabolitów, mogą indukować ekspresję enzymów, odpowiedzialnych za ich metabolizm. W ten sposób uruchamiane są mechanizmy adaptacyjne organizmu. Receptor PXR rozpoznaje i wiąże leki oraz ksenobiotyki (Zhou i in., 2009). Aktywować ten receptor może wiele substancji roślinnych obecnych w warzywach, owocach, ekstraktach ziół, np. hyperforyna, która jest aktywnym składnikiem ekstraktu z dziurawca, witamina E, sulforafan obecny w brokułach i innych warzywach kapustnych, resweratrol występujący w winogronach, genisteina i daidzeina obecna w nasionach soi, β -karoten, witamina D. Stosunkowo dobrze poznano mechanizm aktywacji czynnika transkrypcyjnego Nrf2 przez izotiocyjaniny warzyw kapustnych, a wśród nich sulforafan obecny w dużych ilościach w kiełkach brokułów. Czynniki Nrf2 nie należy do receptorów jądrowych, ale działa w podobny sposób: znajduje się w cytoplazmie w kompleksie białkowym Keap1-Nrf2, który uwolniony z niego wchodzi do jądra komórkowego, wiąże się z sekwencją nukleotydów określaną jako ARE i w ten sposób aktywuje procesy transkrypcji genów znajdujących pod kontrolą sekwencji genów kodujących niektóre enzymy fazy II np. reduktazę chinonową oraz transferazę S-glutationową. Sulforafan aktywuje proces transkrypcji tych genów, ponieważ odpowiedzialny jest za dysocjację kompleksu Keap1-Nrf2 lub fosforylację czynnika Keap1 katalizowaną przez kinazy białkowe MAPK. Receptory jądrowe regulują metabolizm lipidów, kwasów tłuszczowych, cholesterolu i innych związków o aktywności biologicznej, są także odpowiedzialne za metabolizm ksenobiotyków, w tym leków i kancerogenów. Nie ulega wątpliwości, że uczestniczą w patogenezie chorób metabolicznych i nowotworowych. Składniki diety mogą także zmieniać aktywność deacetylaz histonowych (HDAC) (Dashwood i in., 2006). Do inhibitorów tej klasy enzymów należą: maślany, siarczek diallilu występujący w czosnku, sulforafan, którego źródłem są brokuły.

Można przypuszczać że dzięki rozwojowi nutrigenomiki, metabolomiki i bioinformatyki, możliwe będzie przynajmniej częściowe poznanie sieci zależności i interakcji pomiędzy receptorami jądrowymi, ksenobiotykami i składnikami diety, a tym samym prewencja nowotworów i chorób metabolicznych będzie bardziej skuteczna

Wpływ bioaktywnych składników diety na szlaki sygnałowe

Od kilkunastu lat pojawia się coraz więcej dowodów świadczących o tym, że flawonoidy, kwasy fenolowe, izotiocyjaniny, terpeny oraz niskocząsteczkowe związki zawierające siarkę działają nie tylko jako antyoksydanty, ale także oddziałują na inhibitory wielu białek enzymatycznych oraz regulatory wewnątrzkomórkowych szlaków przekazywania sygnałów (Chen i Kong, 2005). Wpływ bioaktywnych składników diety na działanie wewnątrzkomórkowych szlaków sygnałowych jest jednym z najlepiej poznanych mechanizmów działania tych związków. Wśród najintensywniej badanych związków pochodzenia naturalnego znajdują się resweratrol, kurkumina, sulforafan, genisteina oraz jeden z polifenoli zielonej herbaty – gallusan epigalokatechiny (EGCG). Potwierdzenie wielowymiarowej biologicznej aktywności EGCG, a także kurkuminy i resweratrolu wpłynęło w ostatnich latach na rozwój badań w tej dziedzinie i poszukiwanie innych, równie aktywnych związków oraz ekstraktów

o złożonym składzie. Wzrosło zainteresowanie roślinami stosowanymi w tradycyjnej medycynie chińskiej i indyjskiej. Działanie związków pochodzenia naturalnego prowadzi często do zatrzymania cyklu komórkowego lub indukcji apoptozy. Choć w warunkach *in vitro* związki te wykazują zdolność zmiatania wolnych rodników i są określane jako antyoksydanty, *in vivo* indukują stres oksydacyjny oraz aktywują ekspresję białek proapoptycznych z rodziny bcl-2. Efektem jest aktywacja mitochondrialnego szlaku apoptycznego i śmierć komórek (Chen i Kong, 2005). Bioaktywne składniki diety mogą także hamować aktywność czynnika transkrypcyjnego NF-κB, który jest elementem wielu szlaków sygnałowych. W ten sposób działają m.in. kwercetyna, sulforafan, sylimaryna, kurkumina, diallilodisiarcezek. Istnieje wiele dowodów na to, że czynnik NF-κB jest zaangażowany w proces kancerogenezy, gdzie kancerogeny stymulują jego aktywność, a związki pochodzenia naturalnego hamują. Z tego względu hamowanie aktywności czynnika NF-κB przez związki pochodzenia roślinnego jest uznawane za przejaw ich aktywności przeciwnowotworowej (Anand i in., 2008). Związki pochodzenia naturalnego mogą także hamować wiązanie czynników wzrostu do ich błonowych receptorów lub aktywować membranowe receptory śmierci i w ten sposób indukować zewnętrzny szlak apoptozy. Ostatnio zaproponowano mechanizm działania fitozwiązków na białka membranowe, które powodują reorganizację lipidów błonowych tzw. tratw lipidowych (Adachi i in., 2007). Uważa się, że niższe stężenia tych samych bioaktywnych składników diety mogą hamować cykl komórkowy, indukują czynnik transkrypcyjny AP-1, co prowadzi do wzrostu ekspresji białka p21. Białko to hamuje aktywność kinaz CDK, które są odpowiedzialne za proces fosforylacji białka supresorowego Rb. Zahamowanie fosforylacji białka Rb hamuje proces replikacji DNA. Hamowanie podziałów komórkowych daje komórkom czas na dokonanie naprawy uszkodzeń DNA, a zatem jest to do pewnego stopnia korzystne, ponieważ zapobiega mutacjom (Chen i Kong, 2005).

Wpływ bioaktywnych składników diety na efektywność procesów naprawy DNA

Powszechnie wiadomo, że procesy syntezy i naprawy DNA są regulowane przez niektóre witaminy i makro- i mikro-elementy. Stanowią one m.in. kofaktory enzymów katalizujących replikację DNA, jego metylację i naprawę.

Dopiero niedawno opracowano nowe, czułe metody detekcji uszkodzeń chromosomów hodowanych w obecności określonych związków, w tym składników diety. Dzięki temu można określić skutki ich niedoboru lub nadmiaru, widoczne na poziomie molekularnym w postaci uszkodzeń chromosomów. Wykazano, że wysoki poziom kwasu foliowego, witaminy B₁₂, niacyny, witaminy E, retinolu i wapnia chroni genom przed uszkodzeniami, podczas gdy duże dawki ryboflawiny (B₂), kwasu pantotenowego oraz biotyny zwiększają ryzyko uszkodzeń genomu i jego niestabilności (Fenech i in., 2005). Zdefiniowanie optymalnych zakresów stężeń witamin, niezbędnych dla zachowania stabilności genomu jest z pewnością wyzwaniem dla nutrigenomiki. O stabilności genomu decydują także różnego rodzaju mutageny np. aflatoksyny, ochratoksyna A, aminy heterocykliczne, policykliczne węglowodory aromatyczne oraz antymutageny obecne w żywności (flawonoidy, witamina C, witamina E, karotenoidy, błonnik pokarmowy). Stało się jasne, że informacja zawarta w DNA

może ulegać modyfikacjom, za które w pewnym stopniu odpowiedzialny jest rodzaj diety. Bioaktywne składniki diety są cząsteczkami sygnałowymi, które przenoszą informacje ze środowiska zewnętrznego i wpływają w sensie ilościowym i jakościowym na proces ekspresji genów. Można przypuszczać, że dalszy rozwój badań z omawianego zakresu prowadzić będzie nie tylko do zwiększenia bezpieczeństwa żywności, ale także pozwoli na wypracowanie nowych metod zapobiegania i leczenia chorób dietozależnych.

Piśmiennictwo

- AbuMweis S.S., Jones P.J. (2008). Cholesterol-lowering effect of plant sterols. *Curr. Atheroscler. Rep.*, 10: 467–72.
- Adachi S., Nagao T., Ingolfsson H.I., Maxfield F.R., Andersen O.S., Kopelovich L., Weinstein I.B. (2007). Targeting Multiple Signaling Pathways by Green Tea Polyphenol (–)-Epigallocatechin-3-Gallate. *Cancer Res.*, 67: 6493–6501.
- Anand P., Thomas S.G., Kunnumakkara A.B., Sundaram C., Harikumar K.B., Sung B., Tharakan S.T., Misra K., Priyadarsini I.K., Rajasekharan K.N., Aggarwal B.B. (2008). Biological activities of curcumin and its analogues (Congeners) made by man and Mother Nature. *Biochem. Pharmacol.*, 76 (11):1590–1611.
- Ames B.N. (2006). Low micronutrient intake may accelerate the degenerative diseases of aging through allocation of scarce micronutrients by triage. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 103: 17589–17594.
- Bennet A.M., Di Angelantonio E., Ye Z. (2007). Association of apolipoprotein E genotypes with lipid levels and coronary risk. *JAMA*, 298: 1300–1311.
- Calder P.C. (2005). Polyunsaturated fatty acids and inflammation. *Biochem. Soc. Trans.*, 33: 423–427.
- Caron-Dorval D., Paquet P., Paradis A.M. (2008). Effect of the PPAR-alpha L1 62V polymorphism on the Cardiovascular Disease Risk Factor in response to n-3 polyunsaturated fatty acids. *J. Nutrigenet. Nutrigenomics*, 1: 205–212.
- Chen C., Kong A.N. (2005). Dietary cancer-chemopreventive compounds: from signaling and gene expression to pharmacological effects. *Trends Pharmacol. Sci.*, 26: 318–326.
- Dashwood R.H., Myzak M.C., Ho E. (2006). Dietary HDAC inhibitors: time to rethink weak ligands in cancer chemoprevention? *Carcinogenesis*, 27: 344–349.
- Davis C.D., Uthus E.O. (2003). Dietary folate and selenium affect dimethylhydrazine-induced aberrant crypt formation, global DNA methylation and one-carbon metabolism in rats. *J. Nutr.*, 133: 2907–2914.
- Davis C.D., Milner J.A. (2007). Biomarkers for diet and cancer prevention research: Potentials and challenges. *Acta Pharmacol Sin.*, 28: 1262–1273.
- Deckelbaum R.J., Worgall T.S., Seo T. (2006). N-3 fatty acids and gene expression. *Am. J. Clin. Nutr.*, 83: 1520–1525.
- Desvergne B., Michalik L., Wahli W. (2006). Transcriptional regulation of metabolism. *Physiol. Rev.*, 86: 465–514.
- Esposito E., Mazon E., Paternity I., Dal Toso R., Pressi G., Caminiti R., Cuzzocrea S. (2010). PPAR- α to the anti inflammatory activity of verbacosite in a model of inflammatory bowel disease in mice. *PPAR Research*, ID 917312, 10 pages, doi: 101155/2010/917312
- Fenech M. (2001). The role of folic acid and vitamin B12 in genomic stability of human cells. *Mutation Res.*, 475: 56–67.
- Fenech M., Baghurst P., Luderer W., Turner J., Record S., Ceppi M., Bonassi S. (2005). Low intake of calcium, folate, nicotinic acid, vitamin E, retinol, beta-carotene and high intake of pantothenic acid, biotin and riboflavin are significantly associated with increased genome instability-results from a dietary intake and micronucleus index survey in South Australia. *Carcinogenesis*, 26: 991–999.

- Fenech M. (2008). Genome health nutrigenomics and nutrigenetics – diagnosis and nutritional treatment of genome damage on an individual basis. *Food Chem. Toxicol.*, 46: 1365–1370.
- Feng R., Ni H.M., Wang S.Y., Tourkova I.L., Shurin M.R., Harada H., Yin X.M. (2007). Cyanidin-3-rutinoside, a natural polyphenol antioxidant, selectively kills leukemic cells by induction of oxidative stress. *J. Biol. Chem.*, 4, 282 (18):13468–13476.
- Ferguson L.R., Philpott M. (2008). Nutrition and Mutagenesis. *Annual Rev. Nutr.*, 28: 313–329.
- Flavell D.M., Pineda T.I., Jamshidi Y. (2000). Variation in the PPAR α gene is associated with altered function in vitro and plasma lipid concentrations in Type II diabetic subjects. *Diabetologia*, 43: 673–680.
- Grimble R.F., Howell W.M., O'Reilly G. (2002). The ability of fish oil to suppress tumor necrosis factor alpha production by peripheral blood mononuclear cells in healthy men is associated with polymorphisms in genes that influence tumor necrosis factor alpha production. *Am. J. Clin. Nutr.*, 76: 454–459.
- Grotewold E. (2005). Plant metabolic diversity: A regulatory perspective. *Trends Plant Sci.*, 10: 57–62.
- Guarente L., Picard F. (2005). Calorie restriction – the SIR2 connection. *Cell*, 120 (4): 473–482.
- Gylling H., Hallikainen M., Raitakari O.T., Laakso M., Vartiainen E., Salo P., Korpelainen V., Sundvall J., Miettinen T.A. (2008). Long-term consumption of plant stanol and sterol esters, vascular function and genetic regulation. *Br. J. Nutr.*, 101: 1688–1695.
- Herceg Z. (2007). Epigenetics and cancer: towards an evaluation of the impact of environmental and dietary factors. *Mutagenesis*, 22: 91–103.
- Hodek P., Trefil P., Stiborová M. (2002). Flavonoids – potent and versatile biologically active compounds interacting with cytochromes P450. *Chemico-Biological Interactions*, 139 (1): 1–21.
- Holden J.M., Bhagwat S.A., Patterson K.Y. (2002). Development of a multi-nutrient data quality evaluation system. *J. Food Comp. Anal.*, 15: 339–348.
- Hooper L., Thompson R.L., Harrison R.A., Summerbell C.D., Ness A.R., Moore H.J., Worthington H.V., Durrington P.N., Higgins J.P., Capps N.E., Riemersma R.A., Ebrahim S.B., Smith G. (2006). Risks and benefits of omega 3 fats for mortality, cardiovascular disease, and cancer: systematic review. *BMJ*, 332 (7544): 752–760.
- Jaenisch R., Bird A. (2003). Epigenetic regulation of gene expression: how the genome integrates intrinsic and environmental signals. *Nat. Genet.* 33: 245–254.
- Johnson I.T., Belshaw N.J. (2008). Environment, diet and gpg island methylation: Epigenetic signals in gastrointestinal neoplasia. *Food and Chem. Toxicol.*, 46: 1346–1359.
- Jump D.B. (2004). Fatty acid regulation of gene transcription. *Crit. Rev. Clin. Lab. Sci.*, 41: 42–78.
- Kaput J., Rodriguez R.L. (2004). Nutritional genomics: the next frontier in the postgenomic era. *Physiol. Genomics*, 16: 166–177.
- Kersten S. (2008). Peroxisome proliferator activated receptors and lipoprotein metabolism. *PPAR. Res.*, doi:10.1155/2008/132960.
- Kirk H., Cefalu W.T., Ribnicky D.M., Liu Z., Eilertsen K.J. (2008). Botanicals as epigenetic modulators for mechanisms contributing to development of Metabolic Syndrome. *Metabolism*, 57 (7 Suppl 1): 16–23.
- Kogut M.H. (2009). Impact of nutrition on the innate immune response to infection in poultry. *J. Appl. Poultry Res.*, 18: 111–124.
- Lekli I., Ray D.R., Das D.K. (2009). Longevity nutrients resveratrol, wines and grapes. *Genes Nutr.*, 5 (1): 55–60.
- Li Y., Fang H., Xu W. (2007). Recent advance in the research of flavonoids as anticancer agents. *M. Rev. Medic. Chem.*, 7 (7): 663–678.
- Madden J., Carrero J.J., Brunner A. (2008). Polymorphisms in the CD36 gene modulate the ability of fish oil supplements to lower fasting plasma triacyl glycerol and raise HDL cholesterol concentrations in healthy middle-aged men. *Prostaglandins Leukot. Essent. Fatty Acids*, 78: 327–335.
- Manach C., Williamson G., Morand Ch., Scalbert A., Rémésy Ch. (2005). Bioavailability and bioefficacy of polyphenols in humans. Review of 97 bioavailability studies. *Am. J. Clin. Nutr.*, 81 Suppl.: 230–242.
- Markovic O., O'Reilly G., Fussell H.M. (2004). Role of single nucleotide polymorphisms of pro-inflammatory cytokine genes in the relationship between serum lipids and inflammatory parameters, and the lipid-lowering effect of fish oil in healthy males. *Clin. Nutr.*, 23, 1084–1095.

- Masson L.F., McNeill G., Avenell A. (2003). Genetic variation and the lipid response to dietary intervention: a systematic review. *Am. J. Clin. Nutr.*, 77: 1098–1111.
- Masson L.F., McNeill G. (2005). The effect of genetic variation on the lipid response to dietary change: recent findings. *Curr. Opin. Lipidol.*, 16: 61–67.
- Mathers J.C. (2006). Nutritional modulation of ageing: genomic and epigenetic approaches. *Mech. Ageing Dev.*, 127: 584–589.
- Michaud S.E., Renier G. (2001). Direct regulatory effect of fatty acids on macrophage lipoprotein lipase: potential role of PPARs. *Diabetes*, 50: 660–666.
- Miettinen T.A., Vanhanen H. (1994). Dietary sitostanol related to absorption, synthesis and serum level of cholesterol in different apolipoprotein E phenotypes. *Atherosclerosis*, 105: 217–226.
- Minihane A.M., Khan S., Leigh-Firbank E.C. (2000). ApoE polymorphism and fish oil supplementation in subjects with an atherogenic lipoprotein phenotype. *Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.*, 20: 1990–1997.
- Mińkowski K. (2008). Studia nad stabilnością oksydacyjną olejów roślinnych bogatych w polienowe kwasy tłuszczowe o budowie trienowej. *Rocz. IPMiT, Rozprawa habil.*, 46 (4): 1–117.
- Moss T.J., Wallrath L.L. (2007). Connections between epigenetic gene silencing and human disease. *Mutat. Res.*, 618: 163–174.
- Mukherjee S., Lekli I., Gurusamy N., Bertelli A.A., Das D.K. (2009). Expression on of the longevity proteins by both red and white wines and their cardioprotective components, resveratrol, tyrosol, and hydroxytyrosol. *Free Radic. Biol. Med.*, 1: 573–578.
- Nawar W.W. (1996). *Chemistry - [w:] Bailey, s Industrial Oil & Fat Products*. Ed. Y.H. Hui, John Wiley & Sons, Inc., New York, Chichester, Brisbane, Toronto, Singapore. Vol. 1, 397–426.
- North B.J., Verdin E. (2004). Sirtuins: Sir2-related NAD-dependent protein deacetylases. *Genom. Biology*, 5: 224–236.
- Olivieri O., Martinelli N., Sandri M. (2005). Apolipoprotein C-III, n-3 polyunsaturated fatty acids, and "insulin-resistant" T-455C APOC3 gene polymorphism in heart disease patients: example of gene-diet interaction. *Clin. Chem.*, 51: 360–370.
- Ordovas J.M., Corella D., Cupples L.A. (2002). Polyunsaturated fatty acids modulate the effects of the APOA1 G-A polymorphism on HDL-cholesterol concentrations in a sex-specific manner: the Framingham Study. *Am. J. Clin. Nutr.*, 75: 38–46.
- Paradis A.M., Fontaine-Bisson B., Bossę Y. (2005). The peroxisome proliferator-activated receptor alpha Leu162Val polymorphism influences the metabolic response to a dietary intervention altering fatty acid proportions in healthy men. *Am. J. Clin. Nutr.*, 81: 523–530.
- Plat J., Bragt M.C., Mensink R.P. (2005). Common sequence variations in ABCG8 are related to plant sterol metabolism in healthy volunteers. *J. Lipid Res.*, 46: 68–75.
- Plat J., Mensink R.P. (2002). Relationship of genetic variation in genes encoding apolipoprotein A-IV, scavenger receptor BI, HMG-CoA reductase, CETP and apolipoprotein E with cholesterol metabolism and the response to plant stanol ester consumption. *Eur. J. Clin. Invest.*, 32: 242–250.
- Raclot T., Groscolas R., Langin D., Ferre P. (1997). Site-specific regulation of gene expression by n-3 polyunsaturated fatty acids in rat white adipose tissue. *J. Lipid Res.*, 38: 1963–1972.
- Reik W., Dean W., Walter J. (2001). Epigenetic Reprogramming in Mammalian Development. *Science*, 293: 1089–1093.
- Rudkowska L., AbuMweis S.S., Nicolle C., Jones P.J. (2008). Association between non-responsiveness to plant sterol intervention and polymorphisms in cholesterol metabolism genes: a case-control study. *Appl. Physiol. Nutr. Metab.*, 33: 728–734.
- Rudkowska L., Jones P.J. (2008). Polymorphisms in ABCG5/G8 transporters linked to hypercholesterolemia and gallstone disease. *Nutr. Rev.*, 66: 343–348.
- Rudkowska L., Yerreault M., Barbier O., Vohl M.C. (2009). Differences in transcriptional activation by the two allelic (L162Y Polymorphic) variants of PPARalpha after omega-3 fatty acids treatment. *PPAR. Res.*, 369–372.
- Rudzińska M., Kuzuś T., Wąsowicz E. (2001). Sterole i ich utlenione pochodne w olejach rafinowanych i tłoczonych na zimno. *Rośl. Ol.*, 22: 477–494.
- Sanchez-Muniz F.J., Maki K.C., Schaefer E.J., Ordovas J.M. (2008). Serum lipid and antioxidant responses in hypercholesterolemic men and women receiving plant sterol esters vary by apolipoprotein E genotype. *J. Nutr.*, 3: doi: 10.3945/jn.108.090696.
- Sharma S., Kulkarni S.K., Chopra K., (2006). Resveratrol, a polyphenolic phytoalexin attenu-

- ates thermal hyperalgesia and cold allodynia in STZ-induced diabetic rats. *Indian J. Exp. Biol.*, 44: 566–569.
- Shen J., Arnett D.K., Peacock J.M. (2007). Interleukin 1beta genetic polymorphisms interact with polyunsaturated fatty acids to modulate risk of the metabolic syndrome. *J. Nutr.*, 137: 1846–1851.
- Simon J.S., Karnoub M.C., Devlin D.J. (2005). Sequence variation in NPC1L1 and association with improved LDL-cholesterol lowering in response to ezetimibe treatment. *Genomics*, 86: 648–656.
- Sparso T., Hussain M.S., Andersen G. (2007). Relationships between the functional PPARalpha Leu62Val polymorphism and obesity, type 2 diabetes, dyslipidaemia, and related quantitative traits in studies of 5799 middle-aged white people. *Mol. Genet. Metab.*, 90: 205–209.
- Steiner C., Arnould S., Scalbert A., Manach C. (2008). Isoflavones and the prevention of breast and prostate cancer: new perspectives opened by nutrigenomics *Brit. J. Nutr.*, 99: 78–108.
- Stover P.J., Caudill M.A. (2008). Genetic and epigenetic contributions to human nutrition and health: Managing Genome-Diet interaction. *J. Am. Diet. Assoc.*, 108: 1480–1487.
- Tai E.S., Corella D., Demissie S. (2005). Polyunsaturated fatty acids interact with the PPARA-L162V polymorphism to affect plasma triglyceride and apolipoprotein C-III concentrations in the Framingham Heart Study. *J. Nutr.*, 135: 397–403.
- Tanaka T., Ordovas J.M., Delgado-Lista J. (2007). Peroxisome proliferator-activated receptor alpha polymorphisms and postprandial lipemia in healthy men. *J. Lipid Res.*, 48: 1402–1408.
- Vu-Dac N., Schoonjans K., Laine B., Fruchart J.C., Auwerx J., Staels B. (1994). Negative regulation of the human apolipoprotein A-I promoter by fibrates can be attenuated by the interaction of the peroxisome proliferator-activated receptor with its response element. *J. Biol. Chem.*, 269: 31012–31018.
- Weymann M., Schneider R. (2008). Lipid signaling in disease. *Nature*, 9: 162–179.
- WHO Statistical Information System (2009). Causes of death: mortality and health status. WHO data and statistics.
- Witte K.K., Clark A.L., Cleland J.G. (2001). Chronic heart failure and micronutrients. *J. Am. Coll. Cardiol.*, 37: 1765–1774.
- Yang Ch.S., Fang M., Lambert J.D., Yan P., Huang T.H. (2008). Reversal of hypermethylation and reactivation of genes by dietary polyphenolic compounds. *Nutr. Rev.*, 66 (Suppl 1): 18–20.
- Zhao H.L., Houweling A.H., Yanstone C.A. (2008). Genetic variation in ABC G5/G8 and NP-C1L1 impact cholesterol response to plant sterols in hypercholesterolemic men. *Lipids*, 43: 1155–1164.
- Zhou C., Verma S., Blumberg B. (2009). The steroid and xenobiotic receptor (SXR), beyond xenobiotic metabolism. *Nucl. Recept. Signal.*, 7, e001.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

MAREK PIESZKA, MARIUSZ P. PIETRAS

New directions in nutrition studies - nutrigenomics

SUMMARY

Despite the undoubted successes of nutrigenomics research, their results have yet had little impact on the design and manufacture of functional foods. It can be stated that the progress made in basic sciences does not translate into practical benefits as quickly as consumers would wish. Most studies were conducted using in vitro models for cancer cells. Modern analytical methods of screening, chromatographic techniques, spectroscopic methods, DNA microarrays and flow cytometry are used to identify the molecular mechanisms of action of compounds of natural origin. Often, however, the bioavailability and the possibility of modifying the enzymes of phase I and II (oxidation and detoxification) are not taken

into account. These should also account for the complex relationships between metabolic pathways and signalling, and tissue and cellular specificity.

The task of nutrigenomics for the coming years are testing the relationship between diet and its bioactive components and the functioning of genes and signalling pathways. Achievements of this new discipline of science helped to formulate hypotheses about interactions between dietary components and gene expression, in some cases to explain them at the molecular level, and to define new biomarkers, which will facilitate the identification or measurement of risk assessment and health improvement.

These previous preliminary studies are very important. They showed that polyphenols, glucosinolates, isothiocyanate, terpenes, stilbenes and many other compounds are not only antioxidants that "sweep" free radicals. It has been proven that these substances can affect the activity of transcription factors and enzymes that modify chromatin structure or are responsible for the repair of DNA damage.

Key words: nutraceuticals, nutrigenomics, research

CHARAKTERYSTYKA FENOTYPOWA CECH BUDOWY NÓG I RACIC W POPULACJI BUHAJÓW RASY POLSKIEJ HOLSZTYŃSKO-FRYZYJSKIEJ ODMIANY CZARNO-BIAŁEJ

Piotr Topolski¹, Wojciech Jagusiak²

¹Instytut Zootechniki – Państwowy Instytut Badawczy, Dział Genetyki i Hodowli Zwierząt,
32-083 Balice k. Krakowa

²Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Katedra Genetyki i Metod Doskonalenia Zwierząt,
al. Mickiewicza 24/28, 31-059 Kraków

Analizowano trendy fenotypowe w opisowych i szczegółowych cechach budowy nóg i racic w populacji 6299 buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej, urodzonych w latach od 1994 do 2007. Dla poszczególnych cech stwierdzono różne odchylenia od wzorca. Jednocześnie uzyskane wyniki wskazują na występowanie poprawy budowy kończyn w objętej analizami populacji zwierząt. Średnia punktacja ze cechą opisową nogi i racice była wysoka i przekraczała w zależności od typu metody oceny 16 i 80 pkt. Wśród cech szczegółowych najbardziej ustabilizowaną i najbardziej zbliżoną do wzorca była postawa nóg tylnych – widok z boku, a najmniej wyrównaną i najbardziej odbiegającą od swego optimum była postawa nóg tylnych – widok z tyłu. W obrębie wszystkich cech wykazano istnienie niekorzystnych trendów fenotypowych w najstarszych grupach buhajów i pozytywnych w młodszych grupach zwierząt. Uzyskane wyniki świadczą o skuteczności pracy hodowlanej w zakresie doskonalenia tych cech.

Obserwacje praktyczne i wyniki badań naukowych wskazują, że prawidłowa budowa nóg i racic jest czynnikiem korzystnie wpływającym na użytkowość produkcyjną oraz rozrodczą w stadach bydła mlecznego (Perez-Cabal i in., 2006; Cramer i in., 2009). W konsekwencji cechy pokroju związane z budową nóg i racic wpływają pozytywnie na efekt ekonomiczny hodowli.

Cechy budowy nóg i racic charakteryzują się na ogół umiarkowaną odziedziczalnością (Brotherstone i in., 1990; Żarnecki i in., 2003), co pozwala na ich skuteczne doskonalenie. Selekcja na te cechy może również prowadzić do uzyskania skorelowanej reakcji w nisko odziedziczalnych ale silnie związanych z pokrojem cechach funkcjonalnych. Reakcja taka może być nawet wyższa niż postęp otrzymany na drodze selekcji bezpośredniej.

Wyniki badań opublikowane przez wielu autorów (Brotherstone i in., 1990; Jagusiak, 2006; Cramer i in., 2009) potwierdzają występowanie pozytywnych korelacji fenotypowych i genetycznych pomiędzy cechami związanymi z budową nóg oraz

racic z jednej strony a cechami produkcyjnymi i funkcjonalnymi z drugiej. Wykazano m.in. korzystny związek cech budowy nóg i racic z cechami wydajności mlecznej oraz z długością okresu użytkowania i zdrowotnością bydła holsztyńsko-fryzyjskiego (Brotherstone i in., 1990; Boettcher i in., 1998; Schneider i in., 2003; Booth i in., 2004; Jagusiak, 2005; Perez-Cabal i in., 2006; Cramer i in., 2009). Z kolei prace opublikowane przez Pryce'a i in. (2000), Pryce'a i in. (2001), Jagusiaka (2006), Perez-Cabala i in. (2006) wskazują na występowanie korzystnych korelacji fenotypowych i genetycznych pomiędzy budową nóg i racic a wskaźnikami płodności.

Ocena wartości hodowlanej bydła pod względem cech pokroju jest prowadzona w kraju na podstawie fenotypowych ocen krów. Oceny pokroju buhajów dokonywane w trakcie ich odchowu nie są dotychczas wykorzystywane jako źródło informacji w szacowaniu wartości genetycznej (http://wycena.izoo.krakow.pl/doc/metody_oceny_2010_3.pdf).

Wyniki osobniczej oceny pokroju buhajów holsztyńsko-fryzyjskich odgrywają ważną rolę w ich selekcji i są obecnie wykorzystywane jako fenotypowe źródło informacji. Wskazane jest więc podjęcie badań nad oceną poprawności budowy nóg i racic w krajowej populacji buhajów hodowlanych oraz monitoring fenotypowych zmian zachodzących w czasie w zakresie tych cech.

Celem badań jest prześledzenie trendów fenotypowych pod względem poprawności budowy nóg i racic w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej

Material i metody

Dane wykorzystane w badaniach pochodziły z systemu SYMLEK Polskiej Federacji Hodowców Bydła i Producentów Mleka (PFHBiPM). Zbiór danych obejmował wyniki oceny pokroju cech budowy nóg i racic: nogi i racice, postawa nóg tylnych – widok z boku, racice – wysokość piętki oraz postawa nóg tylnych – widok z tyłu. Oceny zostały dokonane w okresie od 1996 do 2008 r. na 6299 buhajach rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej, urodzonych w latach od 1994 do 2007.

W roku 2002 zmodyfikowano krajowy system oceny pokroju buhajów. Dokonano wówczas zmiany zakresu ocen cech opisowych i wprowadzono dodatkową cechę liniową: postawa nóg tylnych – widok z tyłu. W związku z opisaną modyfikacją podstawowy zbiór danych podzielono na dwa podzbiory: podzbiór I zawierał dane z okresu przed modyfikacją, a podzbiór II po modyfikacji. Zmiany w metodyce oceny cech opisowych polegały na tym, że cechy uwzględnione w podzbiorniku I punktowano w skali od 0 do 20 pkt, natomiast podzbiór II obejmował cechy punktowane w skali 50–100 pkt.

Liczby punktów odpowiadające optymalnej postaci cech szczegółowych ustalono na drodze konsultacji ze specjalistami-selekcjonerami PFHBiPM, rutynowo przeprowadzającymi ocenę pokroju buhajów. Na podstawie wyżej opisanego zbioru danych obliczono średnie wartości ocen cech budowy nóg i racic wg roku urodzenia buhajów i oszacowano trendy fenotypowe występujące w tych cechach. Wszystkie obliczenia wykonano za pomocą pakietu SAS (SAS, 1990).

Wyniki

W tabeli 1 przedstawiono charakterystykę fenotypową cechy opisowej nogi i racice w populacji buhajów wg roku urodzenia i typu metody oceny.

Tabela 1. Charakterystyka rozkładu fenotypowego cechy nogi i racice w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej w zależności od typu oceny pokroju i roku urodzenia
Table 1. Characteristics of the phenotypic distribution of the trait legs and feet in the population of Black-and-White Polish-Holstein Friesian bulls depending on conformation type and year of birth

Rok urodzenia Year of birth	N	m	SD	CV (%)	Min	Max
Podzbiór I – Subset I						
1994	65	16,29	1,22	7,49	13	18
1995	452	16,19	1,08	6,67	12	19
1996	462	16,10	0,89	5,70	13	18
1997	446	16,09	0,91	5,56	13	18
1998	430	15,97	0,87	5,44	13	18
1999	265	15,98	0,85	5,32	13	19
2000	320	15,99	0,82	5,18	13	19
2001	107	16,13	0,60	3,71	14	17
2002	61	16,32	0,62	3,82	14	18
Razem Total	2608	16,08	0,91	5,69	12	19
Podzbiór II – Subset II						
2000	21	79,90	4,17	5,21	70	85
2001	228	81,25	3,60	4,43	70	90
2002	324	80,58	3,37	4,18	69	88
2003	488	81,22	2,71	3,34	69	88
2004	733	81,25	3,01	3,70	67	89
2005	1012	81,54	2,84	3,49	65	90
2006	842	81,27	2,68	3,30	73	88
2007	43	82,23	1,81	2,20	78	86
Razem Total	3691	81,28	2,94	3,61	65	90

Przeciętna liczba punktów za nogi i racice w podzbiórze I wyniosła 16,08 pkt, przy wykorzystanej skali ocen od 12 do 19 punktów. Z kolei buhaje uwzględnione w podzbiórze II otrzymały średnio 81,28 pkt (od 65 do 90 pkt). Wśród najstarszych buhajów, urodzonych od 1994 do 1997, relatywnie wysoka – przekraczająca 16 pkt – średnia ocena nóg i racic malała w kolejnych rocznikach. Jednocześnie stwierdzono w tej grupie największą zmienność fenotypową w zakresie analizowanej cechy. Obliczone współczynniki zmienności wahają się od 7,49% dla osobników urodzonych w roku 1994 do 5,56% dla buhajów urodzonych w roku 1997. Kolejne grupy buhajów urodzonych w latach od 1998 do 2002 cechuje regularny wzrost średnich ocen z poziomu 15,97 pkt w roku 1998 do 16,32 pkt w roku 2002 oraz konsekwentnie malejąca zmienność fenotypowa. Współczynnik zmienności zmniejszył się z 5,44% dla bu-

hajów urodzonych w roku 1998 do 3,82% dla buhajów z 2002 r. Oszacowany trend fenotypowy tej cechy w omawianej grupie buhajów wyniósł 0,08 pkt./rok (tab. 5).

W podzbiorze II średnie wartości opisowej oceny nóg i racie wzrastały z 79,90 pkt dla buhajów urodzonych w 2000 r. do 82,23 pkt dla buhajów z roku 2007. Wzrost ocen miał nieregularny charakter, jednak stwierdzono wyraźny, pozytywny trend fenotypowy wynoszący 0,23 pkt/rok (tab. 5). Dla kolejnych roczników buhajów stwierdzono również dość regularne zmniejszanie się zmienności w zakresie analizowanej cechy. Współczynnik zmienności zmalał z 5,21% wśród buhajów urodzonych w roku 2000 do 2,20% w grupie buhajów urodzonych w roku 2007.

Tabela 2. Charakterystyka rozkładu fenotypowego cechy „postawa nóg tylnych – widok z boku” w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej wg roku urodzenia
Table 2. Characteristics of the phenotypic distribution of the trait rear leg set – side view in the population of Black-and-White Polish-Holstein Friesian bulls depending on year of birth

Rok urodzenia Year of birth	N	m	SD	CV (%)	MIN	MAX
1994	65	5,43	0,82	15,25	4	7
1995	452	5,47	0,77	14,15	3	8
1996	462	5,53	0,69	12,50	4	8
1997	446	5,48	0,67	12,27	2	9
1998	430	5,49	0,74	13,89	3	8
1999	265	5,61	0,81	14,57	4	8
2000	341	5,59	0,74	13,15	4	8
2001	335	5,29	0,81	15,24	3	8
2002	385	5,33	0,81	15,23	2	8
2003	488	5,25	0,82	15,76	2	8
2004	733	5,12	0,88	17,18	2	8
2005	1012	5,06	0,79	15,71	2	8
2006	842	5,04	0,89	17,71	1	8
2007	43	4,95	0,81	16,46	3	7
Razem Total	6299	5,23	0,83	15,65	1	9

Średnia punktacja za postawę nóg tylnych – widok z boku – wyniosła 5,23 pkt. i była zbliżona do optimum tej cechy wynoszącego 5 pkt (tab. 2). W grupie buhajów urodzonych w latach od 1994 do 1999 stwierdzono nieregularny wzrost przeciętnej oceny nóg tylnych oglądanych z boku z 5,43 pkt do 5,61 pkt (maksimum). U młodszych buhajów średnie oceny za tę cechę zmniejszyły się do 5,04 pkt u osobników urodzonych w 2006 r. i 4,95 pkt u buhajów z rocznika 2007. Oszacowany trend wynosił $-0,08$ pkt/rok (tab. 5). Przeciętna wartość współczynnika zmienności tej cechy w badanej populacji wynosi 15,65%. Najmniejszą wartość tego wskaźnika stwierdzono w grupach starszych buhajów urodzonych w roku 1996 (12,50%) i 1997 (12,27%), a największą u młodszych buhajów urodzonych w roku 2004 (17,18%) i 2006 (17,71%).

Przeciętna ocena w zakresie cechy racice-wysokość piętki w populacji buhajów wyniosła 5,73 pkt i jest niższa od optimum tej cechy równego 7 pkt (tab. 3). Wyż-

sze, średnie noty za tę cechę uzyskały buhaje ze starszych grup wiekowych, a ocenę najwyższą 6,13 pkt stwierdzono u osobników urodzonych w roku 1997. Najniższą średnią ocenę budowy racic otrzymano dla grupy buhajów urodzonych w roku 2004. W grupie młodszych buhajów wykazano pozytywny trend w zmianach budowy racic (tab. 5). Stwierdzono również relatywnie duże zróżnicowanie pod względem tej cechy w kolejnych rocznikach, przy czym jest ono mniejsze w grupach starszych zwierząt, a nieco większe w grupach młodszych buhajów. Zwraca uwagę nie w pełni wykorzystana skala ocen za tę cechę. Wśród buhajów urodzonych od 1994 do 2004 ani jeden buhaj nie otrzymał oceny 1-punktowej. W tym samym okresie oceny 2-punktowe wystąpiły tylko w grupie buhajów urodzonych w latach 1996, 2002, 2004. Oceny 9-punktowe również nie występowały w obrębie wszystkich roczników ocenionych buhajów.

Tabela 3. Charakterystyka rozkładu fenotypowego cechy „racice – wysokość piętki” w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej wg roku urodzenia
Table 3. Characteristics of the phenotypic distribution of the trait feet – height of heel in the population of Black-and-White Polish-Holstein Friesian bulls depending on year of birth

Rok urodzenia Year of birth	N	m	SD	CV (%)	MIN	MAX
1994	65	5,90	0,89	15,17	4	8
1995	452	6,03	1,09	18,16	3	8
1996	462	5,93	1,01	17,03	2	9
1997	446	6,13	1,06	17,27	3	9
1998	430	5,97	0,99	16,68	3	9
1999	265	5,90	1,09	18,54	3	8
2000	341	5,73	1,02	17,86	3	8
2001	335	5,67	0,92	16,25	3	9
2002	385	5,64	1,02	18,10	2	8
2003	488	5,58	1,04	18,57	3	9
2004	733	5,52	1,08	19,58	2	8
2005	1012	5,55	1,14	20,72	1	9
2006	842	5,56	1,08	19,40	2	9
2007	43	5,58	0,85	15,26	4	7
Razem Total	6299	5,73	1,08	18,87	1	9

Średnia ocena pod względem cechy postawa nóg tylnych – widok z tyłu wynosiła w badanej populacji 5,26 pkt i z pośród wszystkich analizowanych cech szczegółowych pokroju najbardziej odbiegała od optimum, równego 9 pkt (tab. 4). Zmienność tej cechy przewyższa zakresem zmienność pozostałych cech szczegółowych budowy nóg i racic. Współczynnik zmienności dla całej populacji wynosił 25,27%, a dla kolejnych roczników buhajów wahał się od 17,64% (2007 r.) do 26,34% (2004 r.). Ponadto, w przypadku tej cechy klasyfikatorzy dokonujący oceny najpełniej wykorzystywali skale oceny. Oceniając trend fenotypowy w tej cesze stwierdzono występowanie dwóch tendencji: malejącej dla buhajów urodzonych w latach od 2000 do 2003 i rosnącej dla roczników od 2003 do 2007 (tab. 5).

Tabela 4. Charakterystyka rozkładu fenotypowego cechy „postawa nóg tylnych – widok z tyłu” w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej wg roku urodzenia
 Table 4. Characteristics of the phenotypic distribution of the trait rear leg set – rear view in the population of Black-and-White Polish-Holstein Friesian bulls depending on year of birth

Rok urodzenia Year of birth	N	m	SD	CV	Min	Max
2000	21	5,80	1,47	25,30	3	8
2001	228	5,32	1,23	23,81	2	8
2002	324	5,17	1,37	25,74	2	9
2003	488	5,11	1,30	25,42	2	8
2004	733	5,26	1,39	26,33	1	9
2005	1012	5,28	1,36	25,94	2	9
2006	842	5,33	1,27	23,77	1	9
2007	43	5,65	0,99	17,64	4	8
Razem Total	3691	5,26	1,33	25,27	1	9

Tabela 5. Trendy fenotypowe cech związanych z budową nóg i racie buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej, w zależności od roku urodzenia i typu oceny
 Table 5. Phenotypic trends of legs and feet conformation traits in Black-and-White Polish-Holstein Friesian bulls depending on year of birth and conformation type

Cecha/Typ oceny Trait/Conformation type	Rok urodzenia Year of birth	Współczynnik regresji liniowej Coefficient of linear regression (r)
Nogi i racie/Podzbior I Legs and feet/Subset I	1994–1998	-0,07
Nogi i racie/Podzbior II Legs and feet/Subset II	1998–2002	0,08
Postawa nóg tylnych – widok z boku/ Podzbior I i Podzbior II Rear leg set – rear view/ Subsets I and II	1994–1999	0,03
Racie/ Podzbior I i Podzbior II Feet/Subsets I and II	1999–2007	-0,08
Postawa nóg tylnych – widok z tyłu/ Podzbior II Rear leg set – rear view/Subset II	1994–2004	-0,05
	2004–2007	0,02
	2000–2003	-0,22
	2003–2007	0,12

Omówienie wyników

Wyniki przeprowadzonych badań wskazują na istnienie zróżnicowanych odchyień od wzorca rasowego ocen poszczególnych cech budowy nóg i racie buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. Jednocześnie świadczą one o występowaniu poprawy budowy kończyn w tej populacji buhajów.

W analizowanym okresie najkorzystniejsze zmiany stwierdzono w przypadku budowy nóg i racie ocenionej za pomocą metody opisowej. Świadczą o tym oszacowane trendy fenotypowe oraz zmienność fenotypowa malejąca w grupach buhajów urodzonych w kolejnych latach. Niezależnie od metodyki zastosowanej do oceny nóg i racie w obu podzbiorach zaobserwowano tę samą tendencję. W podzbiorze I w grupie

najstarszych buhajów (ur. od 1994 do 1998) odnotowano ujemny trend fenotypowy, ale w populacji młodszych buhajów stwierdzono już dość regularny wzrost średnich ocen za tę cechę. Wzrost ten charakteryzował się większą dynamiką w porównaniu do tempa stwierdzonego w innych analizowanych cechach. Konsekwentną poprawę budowy nóg i racic w populacji buhajów potwierdza również tendencja polegająca na zmniejszaniu się przeciętnej wariancji fenotypowej tej cechy wraz z kolejnym rokiem urodzenia buhajów. Świadczy to o coraz większym wyrównywaniu badanej populacji pod względem budowy nóg i racic.

Liczne prace (Trautman i in., 1985; Zalewski i in., 1991) wskazują, że intensywnie prowadzona w Polsce w latach 70. i 80. XX w. tzw. holsztynizacja bydła, poza wyraźną poprawą większości cech pokroju, mogła równocześnie być przyczyną pogorszenia niektórych z nich. W tej grupie cech wymieniane są nogi i racice (Trautman i in., 1985; Guliński i Litwińczuk, 1999). Chabuz i in. (2002) w badaniach przeprowadzonych na terenie Lubelszczyzny w populacji buhajów testowych o różnym udziale genów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej stwierdzili niewielką, ujemną korelację między oceną za nogi i racice a wzrostem udziału genów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej. Drugą wykazaną w badaniach wymienionych autorów cechą opisową o takiej niekorzystnej korelacji z genotypem była ocena zadu. W przypadku wszystkich pozostałych cech opisowych pokroju buhajów odnotowano wyłącznie dodatnie korelacje pomiędzy wartością poszczególnych cech a zwiększającym się udziałem genów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej.

Opisane trendy w budowie kończyn buhajów w zakresie cechy opisowej nogi i racice mają szczególnie duże znaczenie w praktyce hodowlanej, gdyż punktacja za tę cechę wchodzi w skład oceny ogólnej pokroju zwierzęcia, która jest z kolei istotnym kryterium przy selekcji (KCHZ, 2004). Ocena wyników własnych uzyskanych w ramach tej pracy przeprowadzona na tle wyników publikowanych przez w/w autorów, prowadzi do wniosku, że od pewnego czasu w krajowej populacji buhajów rasy phf odmiany cb występują korzystne i długofalowe zmiany w zakresie oceny opisowej budowy nóg i racic.

W grupie cech szczegółowych najbardziej zbliżoną do wzorca była postawa nóg tylnych – widok z boku. Średnia ocena pod względem tej cechy u buhajów urodzonych w kolejnych latach jest na ogół większa od wartości optymalnej, co oznacza, że wśród ocenianych buhajów częściej występowała tendencja do kończyn podsiebnych niż stromych. Stwierdzone odchylenia od optimum nie są jednak duże i tylko w przypadku trzech roczników buhajów nieznacznie przekroczyły wartość 0,5 pkt. Korzystny, ujemny trend fenotypowy w zakresie tej cechy w grupie młodszych buhajów, świadczy o pożądanym kierunku zmian postawy nóg tylnych oglądanych z boku występujących w kolejnych pokoleniach zwierząt.

Opisana wyżej tendencja dowodzi poprawiającej się budowie nóg buhajów w zakresie cechy postawa nóg tylnych – widok z boku. Podobnie jak w przypadku żeńskiej części populacji bydła rasy holsztyńsko-fryzyjskiego, ma to istotne znaczenie dla długości użytkowania oraz użyteczności rozrodczej (Boettcher i in. 1998, Cramer 2009). Obserwacje praktyczne wskazują, że buhaje charakteryzujące się niewłaściwym ustawieniem stawu skokowego, a zwłaszcza jego zbyt dużym kątem (kończyny podsiebne), mają trudności z oddawaniem skoków. W konsekwencji może to utrud-

niać pozyskiwanie nasienia od takich osobników, a w skrajnych przypadkach bezpośrednio prowadzić do ich brakowania.

W odróżnieniu od postawy nóg tylnych widzianych z boku, inne uwzględnione w analizach cechy szczegółowe pokroju buhajów wykazały większe odchylenia od swych optimumów. Średnie wartości takich odchyień dla cechy racice – wysokość piętki są wyłącznie ujemne i sięgają prawie 1,5 pkt. Tak niskie średnie oceny wskazują na często występującą zbyt niską piętke racicy. Oszacowane trendy fenotypowe w zakresie tej cechy w badanej populacji buhajów wskazały na występowanie dwóch tendencji. W grupach starszych osobników stwierdzono wzrost odchylenia od optimum cechy w kolejnych latach urodzeń buhajów, natomiast w grupie najmłodszych buhajów zaobserwowano pozytywną tendencję do poprawy budowy tej cechy. Odnotowana w młodszej grupie buhajów pozytywna tendencja do zwiększenia wysokości piętki racicy ma istotne znaczenie praktyczne, gdyż nieprawidłowa budowa racic jest jedną z najczęstszych przyczyn schorzeń kończyn u bydła mlecznego i tym samym przyczyną brakowania zwierząt ze stada (Boettcher i in., 1998; Booth i in., 2004; Perez-Cabal i in., 2006; Cramer i in., 2009).

Cechą szczegółową, która najbardziej odbiega od wzorca w badanej populacji buhajów, jest postawa nóg tylnych – widok z tyłu. Zmienność w zakresie tej cechy przewyższa zmienności pozostałych cech szczegółowych budowy nóg i racic, co oznacza, że wśród tej grupy cech jest ona najmniej ustabilizowana w objętej badaniem populacji zwierząt. Potwierdza to słuszność jej wprowadzenia w Polsce w roku 2002 do rutynowej oceny pokroju buhajów. Analiza trendów fenotypowych wskazuje na występowanie dwóch tendencji: malejącej (niekorzystnej) wśród starszych grup buhajów i rosnącej (pozytywnej) wśród młodszych grup zwierząt. Regularny wzrost średnich ocen za tę cechę u młodych buhajów wskazuje – podobnie jak w przypadku innych cech szczegółowych związanych z budową nóg i racic – na skuteczność prowadzonej pracy hodowlanej. Ma to duże znaczenie praktyczne ponieważ cecha ta jest genetycznie i fenotypowo skorelowana z okresem długości użytkowania oraz zdrowotnością zwierząt (De Jong, 1997; Perez-Cabal i in., 2006).

Przeprowadzone badania wskazały na występowanie pozytywnych zmian w budowie nóg oraz racic w populacji buhajów rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej. Wyraźnie korzystną tendencję fenotypową zaobserwowano w przypadku cechy opisowej nogi i racice oraz cech szczegółowych: postawa nóg tylnych – widok z boku i postawa nóg tylnych – widok z tyłu. W grupie najmłodszych buhajów poprawie ulega również budowa racic. Cecha ta charakteryzuje się największą zmiennością. Oszacowane trendy fenotypowe w cechach budowy nóg i racic świadczą o skuteczności pracy hodowlanej w zakresie doskonalenia cech pokroju prowadzonej w populacji bydła rasy polskiej holsztyńsko-fryzyjskiej odmiany czarno-białej.

Piśmiennictwo

- Boettcher P., Dekkers J., Warnick L., Wells S. (1998). Genetic analysis of clinical lameness in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 81: 1148–1156
- Booth C., Warnick L., Gröhn Y., Maizon D., Guard C., Janssen D. (2004). Effect of Lameness on Culling in Dairy Cows. *J. Dairy Sci.*, 87: 4115–4122.

- Brotherstone S., McManus C., Hill W. (1990). Estimation of genetic parameters for linear type traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.*, 26: 177–192.
- Chabuz W., Stenzel R., Ciałek K. (2002). Ocena cech pokrojowych buhajów o różnym udziale genów rasy holsztyńsko-fryzyskiej. *Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod.*, 62: 287–295.
- Cramer G., Lissimore K., Guard C., Leslie K., Kelton D. (2009). The association between foot lesions and culling risk in Ontario Holstein cows. *J Dairy Sci* 92: 2572–2579
- De Jong G. (1997). Scoring legs and feet in the Dutch conformation scoring system. *Interbull Bull.*, 15: 130–134.
- Guliński P., Litwińczuk Z. (1999). Wykorzystanie systemu liniowego w doskonaleniu czarno-białego bydła mlecznego. *Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod.*, 44: 15–43.
- Jagusiak W. (2005). Korelacje genetyczne między cechami wydajności mlecznej a cechami opisowymi typu i budowy u krów czarno-białych. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, 22: 525–528.
- Jagusiak W. (2006). Fertility measures in Polish Black-and-White cattle. 4. Phenotypic and genetic correlations between fertility measures and type traits. *J. Anim. Sci.*, 15, 555–567.
- Perez-Cabal M., Garcia C., Gonzalez-Recio O., Alenda R. (2006). Genetic and phenotypic relationships among locomotion type traits, profit, production, longevity and fertility in Spanish dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 89: 1776–1783.
- Pryce J., Coffey M., Brotherstone S. (2000). The genetic relationship between calving interval, body condition score and linear type and management traits in registered Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 83: 2664–2671.
- Pryce J., Coffey M., Simm G. (2001). The relationship between body condition score and reproductive performance. *J. Dairy Sci.*, 84: 1508–1515.
- Schneider M., Dürr J., Cue R., Monardes H. (2003). Impact of type traits on functional herd life of Quebec Holsteins assessed by survival analysis. *J Dairy Sci.*, 86: 4083–4089.
- Trautman J., Zalewski W., Stenzel R., Kamieniecki K. (1985). Charakterystyka bydła ncb na Lubelszczyźnie. Pokrój, użytkowość mleczna i zdolność wydojowa krów. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.*, 300: 67–73.
- Zalewski W., Gnyś J., Kamieniecki K., Trautman J. (1991). Porównanie pokroju i wydajności mlecznej pierwiastek czarno-białych i mieszańców ze wzrastającym udziałem genów bydła rasy holsztyńsko-fryzyskiej. *Zesz. Nauk. PTZ, Chów I hodowla bydła*, 3: 122–126.
- Żarnecki A., Morek-Kopeć M., Jagusiak W. (2003). Genetic parameters of linearly scored conformation traits of Polish Black-and-White cows. *J. Anim. Feed Sci.*, 12: 689–696.

Accepted for printing 2 XII 2010

PIOTR TOPOLSKI, WOJCIECH JAGUSIAK

Phenotypic characteristics of feet and leg type traits in Polish Black-and-White Holstein-Friesian bulls

SUMMARY

Phenotypic trends in descriptive and linear traits of legs and feet conformation in a population of 6,299 Polish Black-and-White Holstein-Friesian bulls were analysed. The bulls were born from 1994 to 2007. Various deviations from the standard were found for individual traits. The results obtained also showed improvements in leg conformation in the animal population analysed. The mean score for the descriptive trait of legs and feet was high and exceeded 16 or 80 points depending on the evaluation method. Among linear traits, rear leg set – side view was the most stable trait that best approached the standard, while rear

leg set – rear view was the least stable trait that differed the most from the optimum value. Within all traits, unfavourable phenotypic trends were found in the oldest groups of bulls and positive trends amongst the youngest animals. The present results prove the success of breeding work aimed to improve these traits.

Key words: phenotypic trends, conformation traits, bull, legs and feet

SZYBKOŚĆ ODDAWANIA MLEKA U KRÓW RASY SIMENTALSKIEJ W ZALEŻNOŚCI OD KOLEJNEJ LAKTACJI I JEJ STADIUM

Bogumiła Choroszy¹, Zenon Choroszy¹, Magdalena Kopieńska²,
Halina Korzonek¹

¹Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Dział Genetyki i Hodowli Zwierząt,
32-083 Balice k. Krakowa

²Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt,
ul. Ciszewskiego 8, 02-786 Warszawa

Przeprowadzone badania miały na celu pomiar i analizę cechy szybkości oddawania mleka u krów rasy simentalskiej utrzymywanych w typie dwukierunkowym mleczno-mięsny. Obserwacje obejmowały pomiar szybkości oddawania mleka w kg/min aparatem Alfa Laval, w takiej formie, jak jest to stosowane we wspólnym programie hodowlanym niemiecko-austriackim dla bydła simentalskiego. W największym badanym stadzie krów simentalskich szybkość oddawania mleka wynosiła 1,34 kg/min. Najwyższą spośród badanych grup była w grupie pierwiastek i wynosiła 1,45 kg/min. Najniższą szybkość oddawania mleka 1,21 kg/min odnotowano u krów znajdujących się w 5. laktacji. W literaturze wykazano, że cecha ta należy do cech osobniczych i ma powiązania z cechami zdrowotności wymienia. Szybkość oddawania mleka u bydła simentalskiego wymaga doskonalenia poprzez prowadzenie selekcji i ujęcie jej w ocenie wartości hodowlanej, a także w zmodyfikowanym indeksie ogólnym. Cecha ta odgrywa znaczącą rolę w końcowym ekonomicznym wyniku stada oraz w organizacyjnej pracy na fermie bydła mlecznego.

Bydło rasy simentalskiej jest najważniejszą rasą o dwukierunkowej użytkowości. Typowe dla rasy simental zalety to dobra wydajność mleka w połączeniu z bardzo dobrym jego składem i zdrowotnością wymion. W opracowanym programie hodowlanym dla polskiej populacji bydła tej rasy ciąglemu doskonaleniu podlegają cechy produkcyjne i pokroju oraz w coraz szerszym zakresie włączane będą sukcesywnie do oceny wartości użytkowej i hodowlanej cechy funkcjonalne obejmujące cechy płodności, temperamentu i szybkości oddawania mleka (Program hodowlany, 2004; Barłowska i in., 2004; Choroszy i Choroszy, 2005; Wyniki Oceny..., 2009).

W krajach Unii Europejskiej, gdzie hodowla bydła stoi na wysokim poziomie, wzrost potencjału produkcyjnego przestał być najważniejszym celem hodowlanym. Badania naukowe i obserwacje hodowców wskazują, że wraz ze wzrostem wydajności następuje pogorszenie wielu cech ważnych z hodowlanego punktu widzenia,

obejmujących cechy zdrowotności i długości użytkowania w stadzie (Reklewski i Sakowski, 2002; Führer, 2005).

W związku z tym obecnie realizowane programy hodowlane kładą duży nacisk wzorem krajów zachodnich na cechy funkcjonalne, które uwzględniane w selekcji stada w efekcie poprawiają końcowy wynik ekonomiczny stada, pomimo mniejszego wzrostu produktywności (Pichler, 2005; Bogucki, 2008).

W Polsce bydło simentalskie selekcjonowane jest na użytkowanie dwukierunkowe tj. mleczno-mięsne. Program hodowlany zgodnie z tendencją Europejskiej Federacji Hodowców Bydła Simentalskiego nie przewiduje doskonalenia jej innymi rasami, doskonalenie odbywa się w obrębie rasy z wykorzystaniem selekcji i doboru par rodzicielskich (Program hodowlany..., 2004; Choroszy i in., 2008).

Pośród cech, które należy doskonalić u simentali, należy wymienić budowę wymienia, a także szybkość oddawania mleka (Pichler, 2005; Litwińczuk i in., 2006).

W badaniach przeprowadzonych w Austrii, Niemczech i Szwajcarii zajmowano się szybkością oddawania mleka u bydła rasy simentalskiej (Pichler, 2005; Strapak i in., 2008). Stwierdzono, że u tego bydła uzyskuje się nieco niższe parametry tej cechy w stosunku do ras typowo mlecznych, w związku z tym położono nacisk na konieczność jej doskonalenia.

W programie hodowlanym dla bydła simentalskiego populacji austriackiej i niemieckiej cel hodowlany definiowany jest poprzez zbiorczą wartość hodowlaną Total Merit Index składającą się z indeksów dla cech mlecznych, mięsnych i funkcjonalnych. Dodatkowo, jako cecha o szczególnym znaczeniu gospodarczym, włączona jest wartość hodowlana dla cechy szybkości oddawania mleka. W indeksie umieszczono następujące odpowiednie wagi: 37,8 – wydajność mleczna; 16,5 – wydajność mięsna; 43,7 – cechy funkcjonalne; 2,0 – szybkość oddawania mleka (Pichler, 2008).

Badania Dodenhoffa i in. (2000) na krowach rasy simentalskiej, Braunvieh i holsztyńskich wykazały, że szybkość oddawania mleka jest różna u poszczególnych ras.

Najwyższa jest ona u krów ras typowo mlecznych i wynosi 2,01 kg/min. natomiast najniższa jest u krów o użytkowaniu dwukierunkowym (czyli np. simental) i wynosi 1,66 kg/min.

W programie hodowlanym dla bydła simentalskiego w Austrii, Niemczech i Szwajcarii założono, że krowy matki buhajów, kandydatki na matki buhajów oraz pierwiastki testowe muszą mieć oznaczoną szybkość oddawania mleka w kg/min., a nie w formie kodowej, jak to ujęte jest w programie dla bydła holsztyńsko-fryzyskiego (Róhrmoser; Pichler, 2008).

Cecha szybkości oddawania mleka (milking speed), jak wykazały badania wielu autorów, jest cechą funkcjonalną mającą głównie znaczenie ekonomiczne. Równocześnie wykazano, że na tę cechę wpływają cechy osobnicze oraz, że istnieją jej istotne zależności z cechami jak zdrowotność wymienia, kształt wymienia i długość użytkowania krów w stadzie. (Duda i in., 1996; Dodenhoff i in., 2000; Luberański i in., 2006).

Wprowadzony w 2006 roku złożony indeks selekcyjny TMI uwzględniający cechy funkcjonalne, m.in. szybkość oddawania mleka, dał już pozytywne efekty i do-

datni trend genetyczny tej cechy w krajach o najwartościowszej populacji bydła simmentalskiego, tj. Austrii, Szwajcarii i Niemczech (Bigler, 2008; Röhrmoser i Pichler, 2008).

W Polsce w ocenie wartości hodowlanej bydła simmentalskiego dotychczas uwzględniano się jedynie cechy wydajności mleka, mięsa i pokroju, jednak w najbliższej przyszłości planuje się włączyć również cechy funkcjonalne, m.in. szybkość oddawania mleka.

W związku z tym, celem pracy był pomiar i analiza szybkości oddawania mleka w kg/min u krów rasy simmentalskiej oraz określenie zależności przebiegu tej cechy u krów w kolejnych laktacjach i w poszczególnych fazach laktacji.

Material i metody

Badania przeprowadzono w jednym z największych stad czysto rasowego bydła simmentalskiego na Pogórzu Karpackim. Materiał do badań stanowiły 273 krowy rasy simmentalskiej. Zwierzęta utrzymywane były w oborze wolnostanowiskowej z halą udojową firmy „Alfa Laval” typu rybia ość z 24 stanowiskami udojowymi. Dój odbywał się 2-krotnie w ciągu dnia. Zebrano dane od krów znajdujących się w kolejnych fazach prawidłowo trwającej 300-dniowej laktacji, okres pierwszy do 100. dnia, drugi do 200. dnia i końcowy okres powyżej 200 dni. Krowy w zależności od kolejnej laktacji zaszeregowane były do pięciu grup tj. krowy w laktacji 1., 2., 3., 4. i 5. do 9. łącznie. Przedmiotem badań był w trakcie doju porannego rzeczywisty pomiar szybkości oddawania mleka wyrażony w postaci średniej w kg/min. aparatem elektronicznym firmy Alfa Laval.

Wyniki badań usystematyzowano i poddano statystycznej analizie wariancji przy użyciu pakietu SAS (procedura GLM). Do szacowania istotności różnic pomiędzy grupami zastosowano test Duncana.

Wyniki

Krowy rasy simmentalskiej użytkowane dwukierunkowo posiadają nieco inne parametry cech dotyczących mleczości niż krowy wyspecjalizowanych ras mlecznych. W tabeli 1 zamieszczono wyniki parametrów doju krów simmentalskich znajdujących się w kolejnych laktacjach. W tabeli 2 wyodrębniono udział parametru w badanej populacji krów znajdujących się w kolejnych laktacjach, charakteryzujących się najwyższymi parametrami szybkości oddawania mleka, czyli powyżej 2 kg/min.

Drugą część wyników badań przedstawiono na wykresie. Zamieszczono wyniki dotyczące szybkości oddawania mleka u krów o prawidłowo trwającej laktacji do (300 dni), ale znajdujących się w różnych jej fazach, tj. początkowej do 100. dnia (120 sztuk), środkowej (108 sztuk) i końcowej powyżej 200. dnia (45 sztuk).

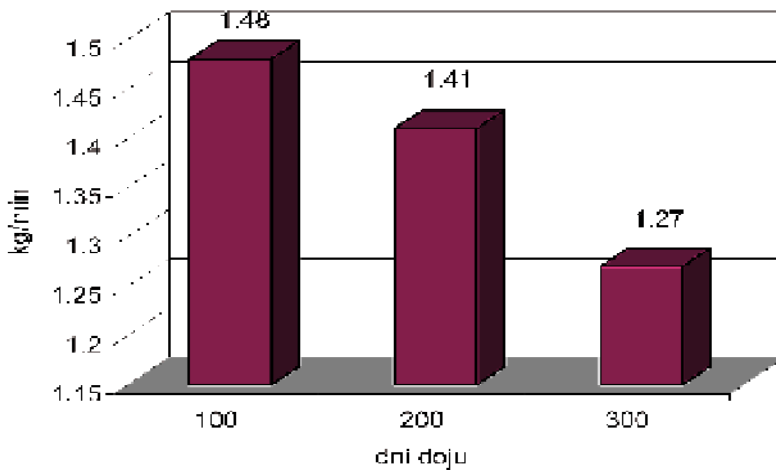
Tabela 1. Szybkość doju w kolejnych laktacjach
Table 1. Milking speed in consecutive lactations

Laktacja Lactation	Ilość krów Number of cows	Udój ranny (kg mleka) Morning milking (kg milk)		Szybkość doju (kg/min) Milking speed (kg/min)	
		\bar{x}	SD	\bar{x}	SD
I	67	8,58 a	0,72	1,45 a	0,51
II	52	10,61 b	1,06	1,41	0,69
III	52	8,76	0,65	1,24 b	0,79
IV	48	10,29	0,38	1,41	0,68
V i dalsze V and beyond	54	9,45	0,13	1,21 b	0,89
\bar{x}	273	9,53	1,08	1,34	0,89

Wartości w kolumnach oznaczone różnymi małymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,05$).
Values in columns with different small letters differ significantly ($P \leq 0,05$).

Tabela 2. Udział procentowy krów cechujących się szybkością doju powyżej 2 kg/min
Table 2. Percentage of cows with milking speed above 2 kg/min

Laktacja Lactation	Udział w produkcji krów w szybkości doju powyżej 2 kg/min (%) Percentage of cows with milking speed above 2 kg/min
I	10,97
II	12,96
III	7,54
IV	17,94
V i dalsze/and beyond	8,82



Rys. 1. Szybkość doju w zależności od fazy laktacji
Fig. 1. Milking speed according to stage of lactation

Szybkość oddawania mleka zmienia się w zależności od fazy laktacji. Najszybciej doją się krowy w początkowej fazie laktacji (do 100. dnia) – 1,48 kg/min, natomiast najniższy wskaźnik szybkości oddawania mleka uzyskiwały krowy w końcowym stadium laktacji (powyżej 200. dnia) – 1,27 (różnica pomiędzy początkową fazą laktacji i końcową statystycznie istotna). Dodatkowo przeanalizowano krowy o dłuższej trwającej laktacji powyżej 400–500 dni. Średnia wydajność mleka w doju porannym dla tej grupy wyniosła 3,65 kg mleka. Szybkość oddawania mleka była znacznie niższa niż w końcowym okresie prawidłowej laktacji i wynosiła 0,72 kg/min.

Omówienie wyników

Szybkość oddawania mleka ma duży wpływ przede wszystkim na organizację produkcji mleka w stadzie i zarządzanie fermą. Krowy dojące się wolniej dezorganizują przepływ stada w hali udojowej. Badania potwierdziły również, że krowy charakteryzujące się bardzo szybkim oddawaniem mleka niosą w sobie z kolei ryzyko zapalenia wymienia (Dodenhoff i in., 2000; Sewalem i in., 2010).

W badanej populacji krowy simentalskie pod względem cechy szybkości oddawania mleka odbiegają od wyników uzyskanych u ras typowo mlecznych, średnia wynosiła 1,34 kg/min. Badania Eggera-Dannera (2005) przeprowadzone w Austrii na krowach różnych ras wykazały, że krowy rasy holsztyńsko-fryzyjskiej uzyskały znacznie korzystniejsze parametry szybkości oddawania mleka (2,31 kg/min) w porównaniu do krów rasy simentalskiej (2,10 kg/min).

Od kilku lat w różnych krajach m.in. Austrii czy Niemczech w programach hodowlanych dla bydła cecha „milking speed” umieszczana jest jako jedna z cech funkcjonalnych i ma odpowiednią wagę w indeksie obejmującym zbiorczą wartość hodowlaną (Pichler, 2005; Strapak, 2008).

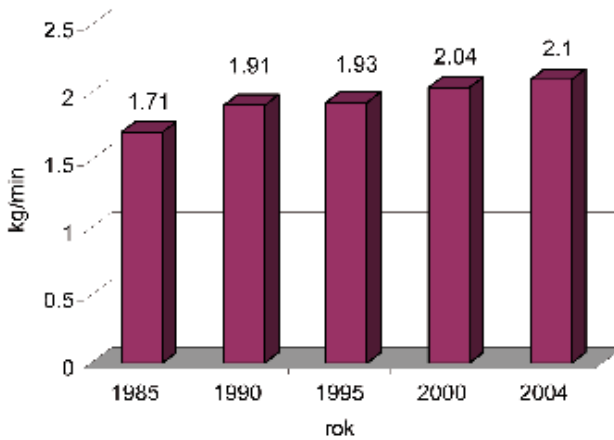
W populacji simentali austriackich i niemieckich cecha ta ulegała doskonaleniu przez wiele lat i obecnie określana jest jako bardzo dobra. Na wykresie drugim zamieszczono wyniki doskonalenia tej cechy na przestrzeni lat od 1995–2004 u pierwiastek (Pichler 2005, Strapak 2008).

W wielu badaniach podkreśla się, że szybkość oddawania mleka mierzona w kg/min jest cechą odziedziczną. Dla populacji krów rasy holsztyńskiej h^2 wynosi od 0,28 do 0,21, natomiast cecha ta oceniana w formie kodowej charakteryzuje się nieco niższym współczynnikiem h^2 i wynosi 0,10. (Rensing i Ruten, 2004; Sewalem i in., 2010).

Rezultaty badań szwajcarskich na bydło rasy Simental i Brown Swiss wskazują, że zdolność wydojowa pierwiastek, tj. kg mleka/min jest istotnym wskaźnikiem charakteryzującym zdolność wydojową krów i jest dobrą cechą do oceny wartości użytkowej i hodowlanej oraz do obiektywnej selekcji bydła mlecznego (Ilahi i Kadamideen, 2004).

Badania Hutha i in. (2009) przeprowadzone na krowach rasy simentalskiej potwierdziły, że selekcję w stadzie ze względu na szybkość oddawania mleka można przeprowadzać nie tylko na podstawie wartości tej cechy uzyskanej u pierwiastek, ale także u krów w dalszych laktacjach drugiej lub trzeciej i dalszej. Korelacje pomiędzy

cechą szybkości oddawania mleka w 1. i dalszych laktacjach są wysokie, statystycznie istotne (0,84).



Rys. 1. Szybkość doju u pierwiastek w populacji austriackich i niemieckich simentali
 Fig. 2. Milking speed in first calvers from the population of Austrian and German Simmentals

Zdolność wydojowa jest cechą osobniczą, a więc i dobre rezultaty można osiągnąć raczej poprzez wybór odpowiedniego buhaja dla hodowli, niż przeprowadzając selekcję krów w stadzie. Najbardziej przydatne w stadzie są krowy o średniej i średniej plus wartości tej cechy. W polskiej populacji holsztyńsko-fryzów pomiar szybkości oddawania mleka w formie kodowej w ocenie wartości użytkowej zbiera się od 2006 roku. Będzie on włączony do modyfikowanego indeksu ogólnego (Zakres i metodyka oceny wartości użytkowej..., 2006). Natomiast u krów simentalskich, które wykazują gorsze parametry tej cechy, nie przebadano w obecnej populacji cechy pomiaru przepływu kg mleka/min tak jak to oceniane jest w populacji niemieckiej i austriackiej.

Analiza uzyskanych wyników dotyczących cechy funkcjonalnej szybkości oddawania mleka wykazała, że krowy w różnym wieku wraz z kolejną laktacją uzyskiwały odmienne wyniki. Najkorzystniejszymi parametrami cechowała się grupa pierwiastek. Natomiast u krów najstarszych szybkość doju była najniższa. Badania przeprowadzone w innych krajach na pierwiastkach (Pichler, 2005) wykazały, że doskonalenie tej cechy i włączenie jej do wspólnego indeksu selekcyjnego dla Niemiec i Austrii spowodowały znaczny postęp genetyczny w obrębie tej cechy. W 1995 r. u pierwiastek-matek buhajów szybkość doju wynosiła 1,7 kg/min a w 2004 roku grupa ta uzyskała parametry 2,1 kg/min. Polska korzysta w znacznym zakresie z genetyki niemieckiej i austriackiej (Program hodowlany, 2004), co w części spowodowało, że w populacji pierwiastek szybkość doju była znacznie lepsza niż u krów w piątej i kolejnych laktacjach. Badania Hutha i in. (2009) potwierdziły, że cecha ta może być podstawą selekcji nie tylko pierwiastek, ale i krów. Analizując wyniki dotyczące szybkości przepływu mleka, stwierdzono, że najwyższa szybkość przepływu mleka

występuje w pierwszym stadium laktacji, a najniższa w końcowym jej stadium. Wyniki są zgodne z obserwacjami Lubierańskiego i in. (2006) którzy stwierdzili, że im lepsze i większe wypełnienie wymienia, tym szybkość doju jest wyższa, a im wyższe parametry szybkości oddawania mleka u bydła simentalskiego, tj. powyżej 2 kg/min, tym lepsza jest organizacja doju oraz krótszy czas przebywania krowy na hali udojowej, gdzie jest ona narażona na dodatkowe czynniki stresogenne.

Równocześnie badania naukowe wykazały, że u krów o wysokich wskaźnikach szybkości oddawania mleka częściej występuje *mastitis* (Sewalem i in., 2010). Badania Rensinga i Rutena (2004) potwierdziły, że istnieje wysoka negatywna ujemna korelacja szybkości oddawania mleka ze zdrowotnością wymienia. Natomiast w badaniach innego autora wykazano, że dłuższe dojenie wywiera negatywny wpływ na krowy, są one bowiem bardziej nerwowe i mają kłopoty z zacieleniem (Van Doormaal, 2007). Ekstremalnie niska szybkość oddawania mleka jest przyczyną brakowania w niemieckich stadach krów holsztyńsko-fryzyjskich, jednak nie jest to jeden z głównych problemów eliminacji krowy ze stada.

W badanym stadzie krowy należące do bardzo szybko dojących się stanowią w zależności od kolejnej laktacji od 8,82% do 17,94%. W badaniach Sewalema i in. (2010) 26% krów rasy simentalskiej charakteryzowało się szybkim i bardzo szybkim dojem.

Jak podkreśla wielu autorów (Strapak, 2008; Pichler, 2008; Sewalem i in., 2010), przyszłość w nowoczesnej hodowli mają krowy dojące się średnio i szybko, natomiast nie bardzo szybko. Badania tych autorów wskazują na to, że szybkość oddawania mleka jest cechą osobniczą; krowy w tym samym stadium laktacji i zbliżonej wydajności dziennej uzyskiwały różne parametry dotyczące szybkości doju.

Cecha funkcjonalna dotycząca szybkości oddawania mleka ma duży wpływ na przebieg doju i ekonomikę produkcji. Równocześnie ma powiązania ze zdrowotnością wymienia a tym samym długością użytkowania krowy w stadzie. Wybór buhajów do hodowli, których potomstwo żeńskie będzie cechowało się dobrymi parametrami tej cechy pozwoli na utrzymanie dobrej zdrowotności w stadzie, a także na dobrą organizację doju na fermach mlecznych.

Piśmiennictwo

- Barłowska J., Litwińczuk A., Król J., Kędzierska-Matysek M. (2004). Jakość mleka produkowanego w gospodarstwach farmerskich utrzymujących krowy rasy simentalskiej. Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod., 72, 1: 161–166.
- Bigler S. (2008). Simmental – Fleckvieh in Switzerland. Council Meeting of the European Simmental Federation in Poland.
- Bogucki M. (2008). Analiza cech funkcjonalnych krów wysoko mlecznych. Roczn. Nauk. PTZ, 4 9–14.
- Choroszy B., Choroszy Z. (2005). Wybrane czynniki charakteryzujące użyteczność mleczną krów simentalskich. Roczn. Nauk. Zoot., Supl., 22: 503–507.
- Choroszy B., Beneš E., Choroszy Z., Brejta W. (2008). Simmental breeding in Poland. Council Meeting of the European Simmental Federation in Poland. Kraków, 27–30.08.2008, pp. 79–84.
- Dodenhoff J., Sprengel D., Duda J., Dempfle L. (2000). Potential use of parameters of the milk flow curve for genetic evaluation of milkability. Uppsala Interbull Biuletin, 23: 10–21.

- Duda J. (1996). New prospects in sire evaluation for milkability. Proceedings International Workshop on Genetic Improvement of Functional Traits in cattle (GIFT) – Health. Uppsala Interbull Biuletyn, 15: 27–32.
- Egger-Danner Ch. (2005). Fleckvieh Austria – weiter im Aufwärtstrend. In Fleckvieh zucht in Österreich, 1: 4–5.
- Führer F. (2005). Breeding strategies for Simmental Fleckvieh from the point of view of breeding associations. 26th Congress of the European Simmental Federation, ss.56–60.
- Huth B., Füller J., Hollo I. (2009). Selection possibilities directed to the improvement of automatic milking in Hungarian Simmental breed. 28th Congress of the European Simmental Federation, Siofok, Hungary, 44.
- Ilahi H., Kadarmideen H. (2004). Bayesian segregation analysis of milk flow in Swiss dairy cattle using Gibbs Sampling. Genetics Selection Evolution INRA EDP Sciences.
- Litwinczuk Z., Chabuz W., Stanek P., Jankowski P. (2006). Bydło Simentalskie w Polsce. Prz. Hod., 9: 22–26.
- Lubierański A., Pawlak T., Szlachta J. (2006). Zdolność wydojowa krów wysoko mlecznych podczas mechanicznego doju aparatami z pulsacją jednoczesną i przemienną. Inż. Rol., 3: 255–262.
- Pichler R. (2005). Fleckvieh Austria – Fit for Future. 26th Congress of the European Simmental Federation.
- Pichler R. (2008). Simmental Breeding in Austria. Simmental Council Meeting of the European Simmental Federation in Poland. Kraków, 27–30.08.2008, ss. 27–41.
- Reklewski Z., Sakowski T. (2002). Znaczenie i perspektywy hodowli bydła simentalskiego. Zesz. Nauk. Prz. Hod., Zesz. Spec., 1: 7–32.
- Rensing S., Ruten W. (2004). Genetic Evaluation for Milking Speed in German Holstein Population. Using Different Traits in a Multiple Traits Repeatability Model. VIT Verden, Germany, 1–4.
- Röhmiser G., Pichler R. (2002). Improvement of both beef and milk in one breed – with Fleckvieh Simmental. World Simmental Fleckvieh Congress. 19–29.08.2002, South Africa, Namibia, ss. 1–27.
- Sewalem A., Kistemaker G., Miglior F. (2010). Estimation of Genetic Parameters for Milking Speed in Canadian Holsteins. Canadian Dairy Network, Guelph, Canada.
- Strapak P., Čanji V., Strapakova E. (2008). Evaluation of longevity in dairy cows in Slovakia. University Nitra, 125 ss.
- Van Doormaal B. (2007). Genetic Evaluation of Dairy Cattle in Canada. Canadian Dairy Network.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

BOGUMIŁA CHOROSZY, ZENON CHOROSZY, HALINA KORZONEK

Milking speed in Simmental cows according to lactation number and stage of lactation

SUMMARY

The aim of the study was to measure and analyse milking speed in Simmental cows kept for milk and meat production. Observations were made of milking speed (kg/min) obtained with an Alfa Laval device, applying the same conditions as in the joint German-Austrian breeding programme for Simmental cattle. In the largest herd of Simmental analysed, milk speed was 1.34 kg/min. Among of all the groups analysed, it was the highest (1.45 kg/min) in first calvers and the lowest (1.21 kg/min) in fifth lactation cows. Literature shows that this trait is specific to an individual animal and is related to udder health traits. Milking speed in Simmental cattle needs to be improved through selection and by including it in the evaluation of breeding value and in a modified total index. This trait plays a considerable role in the final economic performance of the herd and in the organizational work of a dairy farm.

Key words: cow, Simmental, milking speed, lactation

KONSTRUKCJA WSKAŹNIKÓW WYKORZYSTANYCH W METODZIE OCENY WARTOŚCI UŻYTKOWEJ BUHAJÓW RAS MIĘSNYCH W POLSCE

Zenon Choroszy, Andrzej Szewczyk, Bogumiła Choroszy

¹Instituť Zootechniki Państwowy Instituť Badawczy, Dział Genetyki i Hodowli Zwierząt,
32-083 Balice k.Krakowa

Celem pracy było przedstawienie opracowanej w IZ PIB metody oceny wartości użytkowej buhajów ras mięsnych oraz zasad jej prowadzenia. Omawiana metoda wymagała konstrukcji dwóch wskaźników, tj. Wskaźnika Rozwoju (WR) oraz Zmodyfikowanego Wskaźnika Mięśności (ZWM). Stanowiły one podstawę do wyliczenia Zmodyfikowanego Wskaźnika Oceny Zbiorczej (ZWOZ): $ZWOZ = 0,6 \times ZWM + 0,4 \times WR$. Wskaźnik ten pozwala na wyrażenie wartości użytkowej buhaja za pomocą jednej wielkości oraz uszeregowanie (ranking) buhajów wg malejącej wartości tego wskaźnika.

Większość produkowanego mięsa wołowego w Polsce pochodzi nadal jeszcze z uboju opasanych buhajków, wybrakowanych jałówek i krów ras jednostronnie mlecznych, rasy simentalskiej o dwukierunkowej użytkowości oraz krzyżówek towarowych z rasami mięsnymi (Trela, 2004). Niewielka ilość pozyskiwanego mięsa wołowego pochodzi od bydła ras mięsnych. Mięso to jest lepszej jakości i charakteryzuje się dobrą smakowością, kruchością i soczystością. Obecna struktura produkcji wynika głównie z braku w Polsce tradycji w hodowli bydła mięsnego, którego populacja jest stosunkowo niewielka. W 1995 r. rozpoczęto z dużym powodzeniem realizację programu rozwoju hodowli bydła mięsnego (Jasiorowski i in., 1996). W wyniku realizacji tego programu na przestrzeni ostatnich 10 lat nastąpił ponad dwukrotny wzrost czysto rasowej i mieszańcowej populacji krów mięsnych, będących pod oceną użytkowości. Populacja ta liczy obecnie około 15 500 czysto rasowych krów mięsnych oraz około 8900 krów mieszańcowych. Są one hodowane w około 1000 stadach. W Polsce istnieją duże możliwości dalszego zwiększenia pogłowia bydła mięsnego ze względu na kwotowanie produkcji mleka i wypadanie z tej produkcji drobnych gospodarstw (Grodzki i Przysucha, 2008; Jasiorowski, 2008). Odnotowuje się stopniowy wzrost ilości stad mięsnych. Obsada krów w tych stadach waha się od kilkunastu do powyżej 100 krów. Tendencja ta wiąże się z koniecznością zwiększenia ilości buhajów ras mięsnych używanych do rozrodu w stadach mięsnych oraz wykorzystywanych do krzyżowania towarowego.

Prawidłowo prowadzona praca hodowlana w stadzie bydła mięsnego wymaga wyboru do rozrodu najlepszego spośród dostępnych dla hodowcy buhajów. Wiąże się to z koniecznością stosowania oceny wartości użytkowej i hodowlanej buhajów.

Do 2007 r. buhaje używane do rozrodu w stadach mięsnych oceniane były w zasadzie jedynie na podstawie uzyskiwanych mas ciała w wieku 210 i 420 dni, wybranych pomiarów zoometrycznych oraz oceny pokroju. Tak prowadzona ocena nie dawała hodowcy poprawnego kryterium wyboru najlepszego reproduktora pochodzącego zarówno z własnego stada, jak i z zakupu. Brak bowiem było powiązania pomiarów cech mierzalnych z rzeczywistą mięsnością buhaja. Poprawa tej ważnej cechy produkcyjnej powinna być przede wszystkim celem pracy hodowlanej w stadzie bydła mięsnego (Dobicki, 1996; Wajda i in., 2002). W styczniu 2007 r. Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy z inicjatywy Polskiego Związku Hodowców i Producentów Bydła Mięsnego podjął działania nad opracowaniem metody oceny wartości użytkowej i hodowlanej buhajów ras mięsnych na podstawie oceny osobniczej (Choroszy i in., 2007). Przyjęto założenie, że metoda oceny buhajów ras mięsnych na potomstwie, która jest bardzo kosztowna i wymaga dużych przedsięwzięć organizacyjnych, może być wprowadzona w Polsce dopiero w przyszłości, ze względu na zbyt niski stan krajowej populacji bydła mięsnego objętej kontrolą użytkowości i inseminacją.

Celem pracy była konstrukcja dwóch wskaźników, tj. Wskaźnika Rozwoju oraz Zmodyfikowanego Wskaźnika Mięsności, wchodzących w skład Zmodyfikowanego Wskaźnika Oceny Zbiorczej. Wskaźnik ten wykorzystany zostanie w metodzie oceny wartości użytkowej buhajów ras mięsnych.

Material i metody

Przy opracowaniu metody wykorzystano istniejącą bazę danych Polskiego Związku Hodowców i Producentów Bydła Mięsnego służącą do oceny wartości użytkowej bydła ras mięsnych, jak również wyniki przeprowadzonych badań własnych Instytutu Zootechniki.

W celu oszacowania parametrów genetycznych i wyprowadzenia indeksów dla trzech najliczniejszych ras bydła mięsnego przeanalizowano dostępne dane o 7648 buhajach, w tym 4540 rasy Limousine, 1786 rasy Charolaise i 1322 rasy Hereford. Zgromadzone dane z bazy obejmowały obok zapisów identyfikacyjnych (nr zwierzęcia, księga, stado itp.) również dane dotyczące masy ciała przy urodzeniu, masy ciała w wieku 210 i 420 dni, pomiarów zoometrycznych oraz danych pokrojowych.

Na podstawie przeglądu literatury i kompletności uzyskanych danych, do analizy wybrano następujące cechy przyżyciowe, które można było wykorzystać do oceny wartości użytkowej i hodowlanej buhajów:

- masa ciała w wieku 210 dni M210
- masa ciała w wieku 420 dni M420
- wysokość w kłębie WKL
- obwód klatki piersiowej OKLP

Dla wyżej wymienionych cech dokonano oszacowania parametrów genetycznych z wykorzystaniem pakietu DFREML. Obliczenia przeprowadzono dla próby 509 buhajów rasy Limousine, Charolaise i Hereford, które posiadały pełny zestaw tych cech.

Przy szacowaniu parametrów genetycznych zastosowano cztero-zmienny model matematyczny:

$$X_{ijkl} = m + R_i + Y_j + S_k + a_{ijk} + e_{ijkl}$$

gdzie:

- X_{ijkl} – obserwacja danej cechy,
- m – średnia ogólna,
- R_i – stały efekt rasy,
- Y_j – stały efekt roku urodzenia,
- S_k – stały efekt sezonu urodzenia,
- a_{ijk} – losowy efekt zwierzęcia,
- e_{ijkl} – losowy efekt błędu.

W modelu powyższym zrezygnowano z efektu stada, ponieważ zdecydowana większość buhajów pochodziła z różnych obór.

Następny etap badań stanowiło wyprowadzenie równań regresji wielokrotnej na podstawie danych zebranych w Instytucie Zootechniki PIB, dotyczących wartości opasowej i rzeżnej 120 buhajów różnych ras mięsnych. Równania te były podstawą do określenia procentowej zawartości mięsa w 5 podstawowych wyrębach tuszy buhajów na podstawie przyżyciowych pomiarów masy ciała buhajów w wieku 210 i 360 dni, pomiarów zoometrycznych oraz pomiaru USG grubości mięśnia najdłuższego grzbietu w wieku 420 dni. Przed oszacowaniem równań regresji masę ciała w wieku 360 dni przeliczono na 420. dzień życia.

Wyniki

Na podstawie bazy danych PZHiPBM wyliczono charakterystyki podstawowe dla całej stawki buhajów, niezależnie od rasy oraz oszacowano dla tych cech parametry genetyczne (tabele 1 i 2).

Tabela 1. Średnie i odchylenie standardowe wybranych cech
Table 1. Means and standard deviations for some traits

Cecha Trait	Średnia Mean	Odchylenie Deviation
M210	275,3	19,98
M420	506,9	69,19
WKL	129,9	4,05
OKLP	192,0	5,06

Tabela 2. Korelacje fenotypowe rP i genetyczne rG oraz odziedziczalności badanych cech
 Table 2. Phenotypic correlations (rP), genetic correlations (rG) and heritabilities of the analysed traits

Cecha Trait	M210	M420	WKL	OKLP
M210	0,5883	0,4138	0,2834	0,518
M420	0,7376	0,1172	0,3221	0,5353
WKL	0,1048	0,2500	0,6992	0,5503
OKLP	0,2304	0,8222	0,1586	0,1225

Na przekątnej głównej podano odziedziczalności, nad przekątną korelacje fenotypowe rP, zaś pod przekątną korelacje genetyczne rG.

Na podstawie oszacowanych parametrów genetycznych opracowano dwa 4-cechowe indeksy selekcyjne, możliwe do zastosowania w selekcji buhajów trzech ras mięsnych, różniące się wagami ekonomicznymi dla poszczególnych cech. Współczynniki indeksowe, wagi ekonomiczne oraz dokładności dla tych indeksów przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 3. Współczynniki indeksowe oraz wagi poszczególnych cech wybranych 2 wariantów indeksów
 Table 3. Index coefficients and weights of individual traits for 2 index variants selected

Cecha Trait	Wariant 1 Wariant 1		Wariant 2 Wariant 2	
	wagi weights	współczynniki coefficients	wagi weights	współczynniki coefficients
M210	25	21,196	30	24,9936
M420	25	1,3061	30	0,5090
WKL	25	8,2062	20	-1,7349
OKLP	25	3,7442	20	4,8893
Dokładność RGI Accuracy RGI	0,5618		0,5936	

Jak wynika z tabeli 3, dokładności obu indeksów są zbliżone. Ostatecznie przyjęto wariant indeksu eksponującego masy ciała. Indeks ten nazwano Wskaźnikiem Rozwoju (WR):

$$WR = 24,99 \times M210 + 0,51 \times M420 - 1,73 \times WKL + 4,89 \times OKLP$$

Z punktu widzenia praktyki ocena wartości użytkowej buhaja, niezależnie od Wskaźnika Rozwoju (WR), powinna uwzględniać również ocenę mięsności buhaja, określaną na podstawie cech mierzonych przyżyciowo. Wymagało to wprowadzenia dodatkowej cechy mierzonej przyżyciowo na buhajach, tj. ultrasonograficznego pomiaru grubości mięśnia najdłuższego grzbietu (USG), wysoko skorelowanego z mięsnością tuszy. W tym celu wyprowadzono równania regresji do szacowania procentowego udziału mięsa w 5 podstawowych wyrębach (WM), które przedstawiono w tabeli 4.

Tabela 4. Najlepsze równania regresji do szacowania procentowego udziału mięsa w 5 podstawowych wyrębach (WM)

Table 4. Best regression equations for estimating meat percentage in 5 primal cuts (WM)

Ilość zmiennych niezależnych Number of independent variables	Najlepsze równania regresji Best regression equations	R ²
1	$WM = 60,117 + 2,776 \times USG$	0,49
2	$WM = 72,524 - 0,062 \times M210 + 3,041 \times USG$	0,69
3	$WM = 52,786 - 0,068 \times M210 + 0,176 \times WKL + 3,056 \times USG$	0,72
4	$WM = 50,742 + 0,168 \times WKL - 0,075 \times M210 + 0,012 \times M420 + 2,942 \times USG$	0,73
5	$WM = 60,953 + 0,248 \times WKL - 0,069 \times M210 + 0,018 \times M420 + 2,696 \times USG - 0,121 \times OKLP$	0,74

Do predykcji mięsności buhajów wybrano ostatecznie równanie 4. Wielkość wyliczaną na podstawie tego równania nazwano Wskaźnikiem Mięsności (*WM*)

$$WM = 50,742 + 0,168 \times WKL - 0,075 \times M210 + 0,012 \times M420 + 2,942 \times USG$$

Ze względu na konieczność przedstawiania wyników oceny w cyklach półrocznych przyjęto dwa sezony oceny w danym roku kalendarzowym, a kryterium zaliczenia buhaja do odpowiedniego sezonu oceny stanowi data pomiaru USG w wieku 420 dni życia buhaja:

sezon I – pomiary w okresie od 1.01. do 31.06.

sezon II – pomiary w okresie od 1.07. do 31.12.

Sezonowość oceny wymaga odpowiedniej standaryzacji Wskaźnika Mięsności (*WM*):

$$SWM = 100 + 10 \left(\frac{WM - \overline{WM}}{\sigma_{WM}} \right)$$

gdzie:

SWM – Standaryzowany Wskaźnik Mięsności,

\overline{WM} – średni wskaźnik mięsności buhajów ocenionych w danym sezonie, łącznie dla wszystkich ras,

σ_{WM} – odchylenie standardowe dla wskaźnika mięsności buhajów ocenianych w danym sezonie.

Standaryzacja pozwala na przedstawienie mięsności buhaja jako wielkości wynoszącej średnio 100, z odchyleniem standardowym równym 10. Wielkość ta powinna mieścić się w przedziale od około 70 do około 130.

Wskaźnik Rozwoju (WR) oraz Standaryzowany Wskaźnik Mięśności (SWM), z odpowiednio nadanymi wagami posłużyły do wyliczenia Zmodyfikowanego Wskaźnika Oceny Zbiorczej (ZWOZ):

$$ZWOZ = 0,6 \times SWM + 0,4 \times WR$$

Omówienie wyników

Z hodowlanego punktu widzenia ważny jest właściwy wybór cech, które objęte oceną dostatecznie charakteryzują zarówno rozwój zwierzęcia, jak i jego mięsność. Ostatecznie wybrano następujące cechy: masa ciała standaryzowana na wiek 210 i 420 dni życia, pomiar obwodu klatki piersiowej i wysokości w kłębie oraz ultrasonograficzny pomiar grubości mięśnia *mld*. Przydatność tych cech do określania mięsności u bydła wykazali w swoich badaniach Adamczyk i in. (2004) oraz Młynek i Litwińczuk (1999). Również Herring i in. (1994) wskazali na konieczność uwzględnienia w ocenie wartości hodowlanej buhajów masy ciała oraz pomiarów zoometrycznych.

Faulkner i in. (1990) wyprowadzili równania regresji pozwalające przewidzieć ilość mięsa, tłuszczu i kości w tuszach krów z dokładnością wynoszącą odpowiednio $R = 0,93, 0,95$ i $0,65$ na podstawie masy ciała, pomiaru USG grubości tłuszczu nad mięśniem najdłuższym grzbietu (M.l.d.) oraz wysokości w krzyżu. Szczególnie przydatne dla praktyki okazały się pomiary grubości i powierzchni mięśnia najdłuższego grzbietu (M.l.d.), które wysoko korelują z poubojowymi wskaźnikami umięśnienia tuszy (Hamlin i in., 1995; Greiner i in., 2003). Wyniki tych pomiarów mogą znaleźć zastosowanie w modelach statystycznych, służących szacowaniu wartości hodowlanej buhajów pod względem cech użytkowości mięsnej. Należy podkreślić, że pomiary USG są powszechnie używane w ocenie wartości hodowlanej buhajów ras mięsnych w wielu krajach, m.in. Irlandii, Anglii, USA (Simm, 1998; Williams, 2002).

Podstawą opracowanej metody oceny wartości użytkowej buhajów ras mięsnych w Polsce są dwa zdefiniowane wskaźniki, tj. Wskaźnik Rozwoju (WR) oraz Zmodyfikowany Wskaźnik Mięśności (WM). Wchodzą one w skład Zmodyfikowanego Wskaźnika Oceny Zbiorczej (ZWOZ) określonego wzorem:

$$ZWOZ = 0,6 \times SWM + 0,4 \times WR$$

Przyjęte we wzorze wagi dla obu wskaźników kładą większy nacisk na mięsność buhajów, co jest zgodne z założeniami realizowanego w Polsce Programu Rozwoju Hodowli Bydła Mięsnego. W ten sposób skonstruowany Zmodyfikowany Wskaźnik Oceny Zbiorczej (ZWOZ) pozwala na wyrażenie wartości użytkowej buhaja za pomocą jednej wielkości oraz umożliwia uszeregowanie – ranking buhajów całej ocenianej w danym sezonie stawki buhajów w porządku malejącej wartości ZWOZ.

Piśmiennictwo

- Adamczyk K., Szarek J., Skrzyński G. (2004). Zależność wartości rzeźnej buhajów mieszańców od ich tempa wzrostu. *Rocz. Nauk. Zoot., Supl.*, 19: 81–84.
- Choroszy Z., Szewczyk A., Różycki M., Choroszy B. (2007). Możliwości oceny wartości hodowlanej buhajów ras mięsnych w Polsce. *Mat. XV. Szkoły Zimowej*, ss. 291–297.
- Dobicki A. (1996). Próba poubojowej oceny wartości rzeźnej młodego bydła przy pomocy pomiarów, zbieżnie do klasyfikacji umięśnienia i otłuszczenia tusz metodą EUROP. *Mat. IV. Szkoły Zimowej*, ss. 131–142.
- Faulkner D.B., Parrett D.F., McKeith F.K., Berger L.L. (1990). Prediction of fat cover and carcass composition from live and carcass measurements. *J. Anim. Sci.*, 68: 604–610.
- Greiner S.P., Rouse G.H., Wilson D.E., Cundiff L.V., Wheeler T.L. (2003). The relationship between ultrasound measurements and carcass fat thickness and longissimus muscle area in beef cattle
- Grodzki H., Przysucha T. (2008). Produkcja wołowiny w Polsce – teraźniejszość i przyszłość. *Pr. Mat. Zoot.*, 65: 7–17.
- Hamlin K.E., Green R.D., Cundiff L.V., Wheeler T.L., Dikeman M.E. (1995). Real-time ultrasonic measurement of fat thickness and longissimus muscle area: II. Relationship between real-time ultrasound measures and carcass retail yield. *J. Anim. Sci.*, 73, p. 1725; *J. Anim. Sci.* (2003), 81: 676–682.
- Herring W.O., Williams S.E., Bertrand J.K., Benyshek L.L., Miller D.C. (1994). Comparison of live and carcass equations predicting percentage of cutability, retail product weight, and trimmable fat in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 72: 1107–1118.
- Jasiorowski H. (2008). Blaski i cienie krajowej produkcji żywca wołowego. *Pr. Mat. Zoot.*, 65: 21–27.
- Młynek K., Litwińczuk Z. (1999). Przydatność pomiarów zoometrycznych i indeksów budowy do oceny wartości rzeźnej bydła ubijanego przy masie ciała około 500 kg. *Zesz. Nauk. PTZ, Prz. Hod.*, 44: 343–351.
- Simm G. (1998). Genetic improvement of cattle and sheep. Farming Press, 432 ss.
- Trela J. (2004). Przydatność ras i mieszańców do produkcji młodego żywca wołowego. *Wiad. Zoot.*, 3: 2–14.
- Wajda S., Draus S., Piotrowski J. (2002). Projekt oceny na potomstwie buhajów ras mięsnych przeznaczonych do krzyżowania z rasą cb. *Biul. Inf. IZ*, 2: 133–139.
- Williams J.A.R. (2003). Ultrasound applications in beef cattle carcass research and management. *Anim. Sci.*, 80 (E. Suppl. 2): E183–E188.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

ZENON CHOROSZY, ANDRZEJ SZEWCZYK, BOGUMIŁA CHOROSZY

Construction of indices used in a method for evaluating the breeding value of beef bulls in Poland

SUMMARY

The aim of the study was to present a method for evaluating the productive value of beef bulls, elaborated at the National Research Institute of Animal Production, and the principles on which this evaluation is done. Two indices were constructed for this method: the Development Index (WR) and the Modified Meatiness Index (ZWM). They provided a basis for calculating the Modified Total Evaluation Index (ZWOZ): $ZWOZ = 0.6 \times ZWM + 0.4 \times WR$. This index expresses the productive value of a bull using one value and ranks the bulls in a decreasing order of this index.

Key words: beef cattle, evaluation of productive value, development and meatiness indices

ZAWARTOŚĆ KOMÓREK SOMATYCZNYCH W MLEKU KLACZY A RASA, WIEK, KOLEJNOŚĆ I MIESIĄC LAKTACJI*

Maria Kulisa, Katarzyna Makieła, Joanna Hofman

Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Katedra Hodowli Koni, al. Mickiewicza 24/28, 30-059 Kraków

Celem pracy było określenie ilości komórek somatycznych w mleku klaczy różnych ras oraz ich liczby w zależności od wieku i kolejnej laktacji oraz miesiąca laktacji. Materiał do badań pozyskano od 107 koni różnych ras: 50 czystej krwi arabskiej, 18 angloarabskich, 16 szlachetnych półkrwi, 13 śląskich i 10 małopolskich. Próby mleka pobrano od klaczy w wieku od 4 do 23 lat będących w 2.–7. miesiącu laktacji. W mleku oznaczono zawartość komórek somatycznych przy pomocy metody Prescott-Breeda. Próby mleka podzielono na grupy w zależności od wieku i rasy klaczy, kolejności laktacji oraz miesiąca laktacji. Wykazano, że średnia liczba komórek somatycznych w mleku klaczy wynosiła 64,37 tys./ml. Przynależność rasowa klaczy miała wpływ na wartość badanego parametru. W odniesieniu do Polskiej Normy (PN/95-A-86002) mleko wszystkich ras można zaliczyć do klasy ekstra. Najwyższy poziom komórek somatycznych występował w mleku klaczy młodych (4–5 lat) i w pierwszej laktacji oraz w mleku klaczy najstarszych (15–23-letnich) i będących w 11–14 laktacji. Zawartość komórek somatycznych zmniejszała się wraz z upływem laktacji.

Właściwości mleka są charakterystyczne dla samic poszczególnych gatunków ssaków. Różnice występują także między rasami oraz wiążą się z indywidualnymi cechami samicy, jej stanem zdrowia, wiekiem, okresem laktacji oraz sposobem żywienia i utrzymania (Kulisa, 1977). Wpływ mogą wywierać również czynniki klimatyczne. Stan zdrowotny gruczołu mlekowego samicy odgrywa bardzo ważną rolę w odchowie potomstwa, wpływa bowiem na jakość i ilość pokarmu oraz jego wartości zdrowotne (Budzyńska, 2001). Mimo rosnącego zainteresowania mlecznym użytkowaniem koni ilość opracowań naukowych i to zarówno w polskiej, jak i zagranicznej literaturze, dotyczących liczby komórek somatycznych w mleku klaczy jest niewielka.

Jednym ze wskaźników zdrowotności wymion ssaków jest ilość komórek somatycznych w mleku. Komórki somatyczne w mleku to pochodzące z gruczołu mlekowego całe lub zniszczone komórki nabłonka pęcherzyków, przewodów i zatok mlekowych oraz składniki morfotyczne krwi i limfy. Ich zawartość w mleku można określić

*Praca finansowana z działalności statutowej.

w sposób obiektywny, a odziedziczalność jest wyższa niż odziedziczalność przypadków klinicznych mastitis (Sender, 2001). Liczba komórek somatycznych w mleku świadczy o jego jakości i przydatności technologicznej, zaś ich podwyższona liczba wpływa z reguły na obniżenie jakości produkowanego mleka oraz znaczące zmiany w jego składzie (Budzyńska, 2001). W mleku po doju zawartość komórek somatycznych ma wartość stałą i nie zależy od warunków przechowywania i schładzania (Ziemiński i in., 2007).

Celem pracy było określenie ilości komórek somatycznych w mleku kłaczy różnych ras oraz ich liczby w zależności od wieku i kolejnej laktacji, a także miesiąca laktacji.

Material i metody

Materiał do badań pozyskano od 107 kłaczy różnych ras: 50 czystej krwi arabskiej, 18 angloarabskich, 16 szlachetnych półkrwi, 13 śląskich i 10 małopolskich. Próby mleka zgromadzono na przełomie czerwca i lipca 2007 roku od zwierząt w wieku od 4 do 23 lat będących w 2.–7. miesiącu laktacji.

W próbkach mleka oznaczono zawartość komórek somatycznych przy pomocy metody Prescott-Breeda. W metodzie tej 0,01 ml mleka, pobrane kalibrowaną pipetą, rozprowadza się na powierzchni 1 cm² na szkiełku przedmiotowym i barwi błękitem metylenowym, a następnie liczy pod mikroskopem ilość komórek somatycznych. (Pijanowski, 1984).

Pozyskane próby mleka pogrupowano w zależności od wieku kłaczy (od samic 4–5, 6–8, 9–11, 12–14, 15-letnich i starszych) i kolejności laktacji (będących w 1. laktacji, 2.–4., 5.–7., 8.–10. i wyższej niż 11. laktacji). Ze względu na szczyt laktacji przypadający w trzecim miesiącu (Kulisa, 1977) mleko kłaczy podzielono na dwie grupy: pierwsza to próby z drugiego i trzeciego miesiąca laktacji, druga z miesięcy od 4 do 7. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie przy pomocy pakietu SAS wykorzystując jednoczynnikową analizę wariancji, zaś do oszacowania istotności różnic test Tuckeya.

Wyniki

Wykazano iż średnia zawartość komórek somatycznych w mleku kłaczy wynosiła 64,37 tys./ml (tab. 1).

Zanotowano najwyższą średnią liczbę komórek somatycznych w mleku kłaczy angloarabskich (105,98 tys./ml), a najniższą u czystej krwi arabskiej (29,50 tys./ml). Pomiędzy tymi grupami stwierdzono statystycznie istotne różnice (tab. 1). Oceniono zdrowotność gruczołu mlekowego kłaczy i nie stwierdzono występowania stanów podklinicznych, co wykazały kontrolne posiewy bakteryjne.

Tabela 1. Ilość komórek somatycznych (tys./ml) w mleku klaczy różnych ras
 Table 1. Somatic cell number (thous./ml) in the mares' milk in different breeds

Rasa Breed	n	Liczba komórek somatycznych (tys./ml) Number of somatic cells (thous./ml)			
		średnia average	SD	Min.	Max.
Czysta krew arabska Purebred Arab	50	29,50 a	3,21	0	250
Śląska Silesian Horse	13	90,38	10,32	0	425
Angloarabska Anglo-Arab	18	105,98 a	12,52	0	500
Małopolska Małopolski Horse	10	36,90	3,96	0	275
Szlachetna Półkrew Noble Half-bred	16	59,09	7,01	0	300
Ogółem Total	107	64,37			

* Średnie w kolumnach oznaczone tymi samymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$).

* Means in columns marked with the same letters differ significantly ($P \leq 0.05$).

Tabela 2. Ilość komórek somatycznych (tys./ml) w mleku klaczy będących w różnym wieku
 Table 2. Somatic cell number (thous./ml) in the milk of mares of different ages

Wiek (lata) Age (years)	n	Liczba komórek somatycznych (tys./ml) Number of somatic cells (thous./ml)			
		średnia average	SD	Min.	Max.
4–5	24	115,19 ab	12,11	0	425
6–8	42	30,54 ac	3,45	0	200
9–11	13	30,56 bd	3,91	0	250
12–14	15	76,94	6,79	0	350
15–23	13	85,56 cd	9,52	0	400

* Średnie w kolumnach oznaczone tymi samymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$).

* Means in columns marked with the same letters differ significantly ($P \leq 0.05$).

Średnią liczbę komórek somatycznych w mleku klaczy w różnym wieku obrazuje tabela 2. Najwyższe wartości badanego parametru zaobserwowano w mleku klaczy najmłodszych (4–5-letnich – 115,19 tys./ml) i najstarszych (15–23-letnich – 85,56 tys./ml). Mleko klaczy w wieku od 6 do 14 lat charakteryzowało się średnią ilością komórek somatycznych mieszczącą się w granicach od 30,54 do 76,94 tys./ml. Za pomocą testu Tuckey'a wykazano statystycznie istotne różnice w mleku pochodzącym od najstarszych i najmłodszych klaczy a pozostałymi grupami wiekowymi.

Kolejność laktacji również oddziaływała na ilość komórek somatycznych w mleku. Najwyższe wartości stwierdzono w mleku klaczy znajdujących się w 11. do 14. laktacji (108,87 tys./ml) oraz w pierwszej laktacji (84,38 tys./ml). Wartości te różniły się statystycznie istotnie od obliczonych dla mleka klaczy znajdujących się w od 2. do 4. laktacji (27,16 tys./ml) (tab. 3).

Tabela 3. Ilość komórek somatycznych (tys./ml) w mleku klaczy w zależności od kolejności laktacji
 Table 3. Somatic cell number (thous./ml) in the mares' milk depending on lactation number

Kolejność laktacji Lactation number	n	Liczba komórek somatycznych (tys./ml) Number of somatic cells (thous./ml)			
		średnia average	SD	Min.	Max.
1	24	84,38 a	8,93	0	425
2-4	46	27,16 ab	3,01	0	250
5-7	17	66,67	7,24	0	350
8-10	16	62,94	6,83	0	300
11-14	4	108,87 b	12,01	0	500

* Średnie w kolumnach oznaczone tymi samymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$).

* Means in columns marked with the same letters differ significantly ($P \leq 0,05$).

Najniższą liczbę komórek somatycznych zanotowano w mleku pochodzącym od klaczy będących między 4. a 7. miesiącem laktacji (16,97 tys./ml), zaś w mleku klaczy będących w 2. i 3. miesiącu laktacji liczba ta była znacznie wyższa i wynosiła 111,78 tys./ml. Stwierdzono statystycznie istotne różnice ilości komórek somatycznych pomiędzy wyżej wymienionymi grupami (tab. 4).

Tabela 4. Liczba komórek somatycznych w mleku (tys./ml) z uwzględnieniem miesiąca laktacji
 Table 4. Somatic cell count (thous./ml) in mares' milk with regard to month of lactation

Miesiąc laktacji Month of lactation	n	Liczba komórek somatycznych (tys./ml) Number of somatic cells (thous./ml)			
		średnia average	SD	Min.	Max.
2-3	17	111,76 a	11,65	0	500
4-7	90	16,97 a	1,87	0	425

* Średnie w kolumnach oznaczone tymi samymi literami różnią się statystycznie istotnie ($P \leq 0,05$).

* Means in columns marked with the same letters differ significantly ($P \leq 0,05$).

Omówienie wyników

Wykazana w badaniach własnych liczba komórek somatycznych w mleku klaczy była niższa w porównaniu do ich liczby w wydzielinie zdrowego gruczołu mlekowego krów (400 tys./ml), owiec (300 tys./ml) i kóz (około 1 mln/ml) (Tietze i in., 2001). Odnosząc otrzymane wyniki do Polskiej Normy (PN/95-A-86002), mleko wszystkich ras koni, od których pobierano próby, można zaliczyć do klasy ekstra, co świadczy o jego bardzo dobrej jakości higienicznej. Budzyńska (2001) w swych badaniach podaje wyższą (54,38 tys./ml), aniżeli zanotowana w niniejszych, średnią ilość komórek somatycznych w wydzielinie gruczołu mlekowego klaczy czystej krwi arabskiej. Budzyńska (2002) oraz Tietze i in. (1999) zanotowały tendencje spadkową ilości komórek somatycznych w mleku wraz z upływem laktacji, co potwierdzają przeprowadzone badania.

Podsumowując można stwierdzić, że średnia liczba komórek somatycznych w mleku klaczy okazała się niska w porównaniu z mlekiem krów, owiec i kóz, co kwalifikuje to mleko do klasy ekstra. Na zawartość komórek somatycznych w mleku wpływa rasa i wiek klaczy oraz kolejność i miesiąc laktacji.

Piśmiennictwo

- Budzyńska M. (2001). Ocena wybranych wskaźników fizjologicznych u klaczy arabskich w okresie ciąży i laktacji. AR w Lublin.
- Budzyńska M. (2002). The evaluation of some physiological indices of Arabian mares during pregnancy and lactation. *J. Anim. Feed Sci.*, 11: 289–298.
- Kulisa M. (1977). Skład mleka klaczy trzech ras z uwzględnieniem kwasu N-acetyloneuraminowego. *Acta Agr. Et Silv.*, Vol XVII, fasc., 1–2: 26.
- Sender G. (2001). Odporność na mastitis jako składowa celu hodowlanego w programach doskonalenia bydła mlecznego. *Pr. Mat. Zoot.*, 12, zesz. specj., ss. 1–61.
- Tietze M., Budzyńska M. (1999). Skład chemiczny i zawartość komórek somatycznych w mleku klaczy czystej krwi arabskiej w różnym stadium laktacji. *Sesja Nauk. Etologia w chowie zwierząt gospodarskich i geopatyczne uwarunkowania ich zdrowia, wydajności i rozrodczości. AR Wrocław.*
- Tietze M., Litwińczuk A., Budzyńska M., Bederska M. (2001). Factors determining somatic cell content in farm livestock milk. *Ann. UMCS, Sect. EE*, 19: 297–301.
- Ziemniński R., Ćwikła A., Wierzbicki H. (2007). Próba wykorzystania komórek somatycznych mleka w ocenie wartości hodowlanej buhajów. *Prz. Hod.*, 4: 14–16.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

MARIA KULISA, KATARZYNA MAKIEŁA, JOANNA HOFMAN

Somatic cell content of mares' milk as related to breed, age, lactation number and month of lactation

SUMMARY

The aim of the study was to determine the amount of somatic cells in the milk of mares of different breeds and their number depending on age, lactation number and month of lactation. The experimental material was obtained from 107 horses of different breeds: 50 purebred Arabs, 18 Anglo-Arabs, 16 Noble Half-breds, 13 Silesian horses and 10 Małopolski horses. Samples of milk were collected from 4- to 23-year-old mares at 2–7 months of lactation. The milk samples were analysed for somatic cell content using the Prescott-Breed method. Milk samples were divided into groups depending on the age and breed of mares, lactation number and month of lactation. It has been shown that the average number of somatic cells in mares' milk was 64.37 thousand/ml. Mares' breed had an effect on the value of this parameter. With regard to the Polish Standard (PN/95-A-86002), the milk of all breeds can be ranked as "extra" class. The highest level of somatic cells occurred in the milk of the youngest mares (4–5 years old) in their first lactation, and in the milk of the oldest mares (15–23 years old) in their 11–14 lactations. The content of somatic cells decreased as lactation progressed.

OCENA WARTOŚCI HODOWLANEJ I ROZPŁODOWEJ LOCH RASY WIELKIEJ BIAŁEJ POLSKIEJ I POLSKIEJ BIAŁEJ ZWISŁOCHEJ Z REGIONU KUJAWSKO-POMORSKIEGO*

Maria Bocian¹, Hanna Jankowiak¹, Salomea Grajewska¹,
L'udmila Gajdošová², Jolanta Kapelańska¹, Wojciech Kapelański¹

¹Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy, Katedra Hodowli Trzody Chlewniej,
ul. Mazowiecka 28, 85-084 Bydgoszcz

²Slovak University of Agriculture in Nitra, Department of Animal Husbandry, A. Hlinku 2,
949 76 Nitra, Slovensko

Celem niniejszej pracy było dokonanie analizy wartości hodowlanej i rozplodowej loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp) i polskiej białej zwisłoczej (pbz), o genotypie RYRINN użytkowanych w Regionie Pomorza i Kujaw w roku 2007. W ocenie przyżyciowej uwzględniono standaryzowane przyrosty dobowe, średnią grubość słoniny, procentową zawartość mięsa w ciele i wartość indeksu selekcyjnego. W ocenie rozplodowej uwzględniono liczbę prosiąt w 21. dniu życia, wiek pierwszego oproszenia i okres międzymiotu. Badaniami objęto łącznie 1295 loch (670 loch rasy wbp, w tym 190 pierwiastek i 480 wieloródek oraz 625 loch rasy pbz, w tym 190 pierwiastek i 435 wieloródek). Wartość rozplodową loch oceniano oddzielnie u pierwiastek i wieloródek. Lochy rasy wbp w porównaniu z lochami rasy pbz cechowały się wyższą mięsnością ocenianą przyżyciowo (57,22% wobec 56,94%) ($P < 0,05$). Natomiast lochy rasy pbz uzyskały lepsze wyniki w zakresie cech użytkowości rozplodowej niż lochy wbp. Rodziły i odchowały więcej prosiąt (11,58 i 11,11 wobec 11,14 i 10,75 szt.), wcześniej osiągnęły wiek pierwszego oproszenia (340,62 wobec 349,35 dni), ale miały dłuższy okres międzymiotu (167,90 wobec 165,50 dni) ($P < 0,01$). Lochy pierwiastki obu ras wbp i pbz w porównaniu z wieloródkami rodziły mniej prosiąt – 10,72 u wbp wobec 11,18 szt., 11,31 u pbz wobec 11,61 szt. ($P < 0,01$) i mniej odchowały 10,36 u wbp wobec 10,78 szt. $P < 0,01$, 10,86 u pbz wobec 11,14 szt. ($P < 0,05$). Wykazano istotne korelacje pomiędzy cechami oceny przyżyciowej a cechami użytkowości rozplodowej u loch pierwiastek. Lochy ras wbp i pbz użytkowane w Regionie Pomorza i Kujaw na tle średniej krajowej charakteryzowały się dobrą użytkowością rozplodową, wcześniej osiągnęły wiek pierwszego oproszenia i miały krótszy okres międzymiotu.

Użytkowość rozrodczą loch charakteryzuje wiele cech, tj. płodność, plenność, mleczność, wiek w dniu pierwszego pokrycia lub oproszenia, długość międzymiotu, częstotliwość oprosień, długość użytkowania lochy i jej wydajność życiowa (Grudniewska, 1998).

*Praca dofinansowana z budżetu województwa w ramach Regionalnego Funduszu Badań i Wdrożeń Województwa Kujawsko-Pomorskiego.

Jak stwierdzono w badaniach, na użytkowość rozplodową loch pierwiastek, jak i wieloródek ma wpływ genotyp w locus *RYR1* (Kurył, 2000; Nováková i in., 2000). Rasy mateczne pbz i wbp powinny być zawsze wolne od genu wrażliwości na stres *RYR1^T*, który mimo, że gwarantuje lepsze umięśnienie (Kurył, 2000; Nováková i in., 2000), niekorzystnie wpływa na cechy związane z użytkowością rozplodową zwierząt. Jak podają liczni autorzy, lochy wrażliwe na stres w porównaniu z lochami odpornymi rodzą mniej liczne mioty, a prosięta w tych miotach mają niższą masę ciała przy urodzeniu i w kolejnych etapach odchowu (Kurył, 2000; Kurył i Wróblewski, 1992; Mucha i in., 2007; Nováková i in., 2000; Nyström i Andersson, 1993; Omelka i in., 2006).

Postęp wartości genetycznej świń pod względem cech tucznych i rzeźnych jest kontrolowany na podstawie oceny przyżyciowej, która jest podstawową oceną prowadzoną w kraju i obejmuje całą populację świń stad podstawowych. Wartość hodowlaną loch ocenia się na podstawie indeksu selekcyjnego, na który składa się ocena tempa wzrostu i umięśnienia tuszy (Eckert i Żak, 2005; Mucha i in., 2005; Różycki i in., 2005 a, b; Szyndler-Nędza i in., 2005).

Wielkość produkcji i poziom prowadzonej hodowli świń w Regionie Pomorza i Kujaw należy do ścisłej czołówki krajowej, a pod względem liczebności pogłowia zajmuje pierwszą lokatę w kraju przed Wielkopolską (POL SUS, 2009).

Celem niniejszej pracy było dokonanie analizy wartości hodowlanej i rozplodowej loch rasy wielkiej białej polskiej (wbp) i polskiej białej zwisłouchej (pbz) ocenianych przyżyciowo użytkowanych w Regionie Pomorza i Kujaw w 2007 roku.

Material i metody

Badaniami objęto łącznie 1295 loch (670 loch rasy wbp, w tym 190 pierwiastek i 480 wieloródek oraz 625 loch rasy pbz, w tym 190 pierwiastek i 435 wieloródek). Zwierzęta pochodziły z hodowli zarodowej woj. kujawsko-pomorskiego. Genotypy pod względem genu *RYR1* identyfikowano metodą PCR-RLFP przy zastosowaniu enzymu restrykcyjnego *Hin6I* (Bogdzińska, 2007). W niniejszych badaniach uwzględniono tylko osobniki o genotypie *RYR1^{NN}*.

W ocenie przyżyciowej uwzględniono standaryzowane przyrosty dobowe, średnią grubość słoniny, procentową zawartość mięsa w ciele loch i wartość indeksu selekcyjnego (Eckert i Żak, 2005). Wartość rozplodową loch oceniano oddzielnie u pierwiastek i wieloródek, w której uwzględniono liczbę sutfów, liczbę prosiąt w 1. i 21. dniu życia, śmiertelność prosiąt, proporcję płci prosiąt, wiek pierwszego oproszenia i okres międzymiotu.

Uzyskane wyniki opracowano statystycznie, obliczając dla każdej cechy średnią arytmetyczną (\bar{x}) oraz odchylenie standardowe (s). Istotność różnic między grupami określano posługując się testem t . Wyliczono korelacje między cechami oceny przyżyciowej i rozplodowej u loch pierwiastek przy zastosowaniu programu komputerowego STATISTICA 8 PL (2008).

Wyniki

Przedstawiona w niniejszym opracowaniu stawka 1295 loch pochodziła z liczniejszej grupy 1564 loch przebadanych pod względem genotypu *RYRI* i stanowiła 82,80% populacji loch o genotypie *RYRI^{AN}*.

Tabela 1. Wyniki oceny przyżyciowej i rozplodowej loch rasy wbp i pbz
Table 1. Performance and reproductive performance results of PLW and PL sows

Wyszczególnienie Item	Rasa Breed	
	wbp PLW	pbz PL
Liczebność (n) Number (n)	670	625
Ocena przyżyciowa Performance test		
Liczba sutków (szt.) Number of teats	14,46±0,68	14,46±0,77
Standaryzowane przyrosty dobowe (g) Standardized daily gain (g)	636,10±74,96	634,02±64,48
Standaryzowana grubość słoniny (mm) Standardized backfat thickness (mm)	10,46±1,68	10,8±1,78
Procentowa zawartość mięsa w ciele (%) Body lean percentage (%)	57,22±2,06 a	56,94±2,40 b
Indeks selekcyjny oceny przyżyciowej (pkt) Selection index value (score)	114,12±15,36	113,8±15,36
Ocena rozplodowa loch Reproductive performance test		
Liczba prosiąt urodzonych żywych w miocie (szt.) Number of live born piglets (n)	11,14±1,77 A	11,58±1,43 B
Liczba prosiąt w 21. dniu życia (szt.) Number of piglets at 21 days of age (n)	10,75±1,72 A	11,11±1,43 B
Śmiertelność (szt.) Mortality (n)	0,39±0,63 A	0,47±0,79 B
Śmiertelność (%) Mortality (%)	3,38±5,46 A	3,90±6,41 B
Odsetek loszek w miocie (%) Percentage of gilts in litter (%)	47,90	53,02
Wiek pierwszego oproszenia (dni) Age at first farrowing (days)	349,35±33,24 A	340,62±29,42 B
Dni międzymiotu Farrowing interval (days)	165,60±21,32 A	167,90±25,33 B

a, b i A, B – wartości w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie, przy $P < 0,05$ i $P < 0,01$.
a, b and A, B – values in rows with different letters differ significantly at $P < 0,05$ and $P < 0,01$.

W tabeli 1 przedstawiono wyniki oceny przyżyciowej i rozplodowej loch rasy wbp i pbz. Lochy rasy wbp odznaczały się wyższą procentową zawartością mięsa w tuszy ocenianą przyżyciowo niż lochy rasy pbz ($P < 0,05$). Pozostałe cechy, jak licz-

ba sutków, standaryzowane przyrosty dobowe i standaryzowana grubość słoniny były bardzo zbliżone u loch obu ras. Lochy rasy pbz cechowały się natomiast lepszą użytkowalnością rozplodową w porównaniu z lochami wbp. Urodziły i odchowały istotnie więcej prosiąt, wcześniej też osiągnęły wiek pierwszego oproszenia ($P<0,01$). Śmiertelność w trakcie odchovu prosiąt była natomiast niższa u loch rasy wbp niż pbz. U loch rasy wbp wykazano też krótszy okres międzymiotu ($P<0,01$).

Wyniki użytkowości rozplodowej loch pierwiastek i wieloródek ras wbp i pbz przedstawiono w tabeli 2. Lochy pierwiastki w porównaniu z lochami wieloródkami obu ras wbp i pbz rodziły mniej prosiąt ($P<0,01$).

Tabela 2. Wyniki użytkowości rozplodowej loch pierwiastek i wieloródek
Table 2. Reproductive performance results of primiparous and multiparous sows

Wyszczególnienie Item	Rasa Breed	Lochy – Sows	
		pierwiastki primi- paras	wieloródkki multiparas
Liczebność (n) Number (n)	wbp PLW	190	480
	pbz PL	190	435
Liczba prosiąt urodzonych żywych w miocie (szt.) Number of pigs born alive per litter	wbp PLW	10,72±1,72 A	11,18±1,77 B
	pbz PL	11,31±1,40 A	11,61±1,43 B
Liczba prosiąt w 21 dniu życia (szt.) Number of piglets at 21 days of age	wbp PLW	10,36±1,79 A	10,78±1,71 B
	pbz PL	10,86±1,57 a	11,14±1,41 b
Śmiertelność (szt.) Mortality (n)	wbp PLW	0,36±0,73	0,39±0,62
	pbz PL	0,45±0,80	0,47±0,79
Śmiertelność (%) Mortality (%)	wbp PLW	3,32±6,69	3,38±5,32
	pbz PL	3,99±7,13	3,89±6,32
Odsetek loszek w miocie (%) Percentage of gilts in litter (%)	wbp PLW	45,89	46,24
	pbz PL	52,52	50,73
Wiek pierwszego oproszenia (dni) Age at first farrowing (days)	wbp PLW	349,28±26,33	349,37±35,62
	pbz PL	338,40±26,96	341,59±30,41
Dni międzymiotu Farrowing interval (days)	wbp PLW		165,60±21,31
	pbz PL		167,90±25,33

a, b i A, B – wartości w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie, przy $P<0,05$ i $P<0,01$.
a, b and A, B – values in rows with different letters differ significantly at $P<0,05$ and $P<0,01$.

Tabela 3. Współczynniki korelacji pomiędzy cechami oceny przyżyciowej a cechami użytkowości rozplodowej loch pierwiastek
 Table 3. Coefficients of correlation between live evaluation traits and reproductive performance traits of primiparous sows

Użytkowość rozplodowa Reproductive performance	Ocena przyżyciowa Performance test				
	rasa breed	przyrosty dobowe (g) daily gain (g)	grubość słoniny (mm) backfat thickness (mm)	udział mięsa w ciele (%) body lean percentage (%)	indeks selekcyjny (pkt.) selection index value (pts).
Liczba prosiąt przy urodzeniu (szt.) Number of live born piglets	wbp	0,268 xx	0,024	0,007	0,219 xx
	PLW				
	pbz	0,256 xx	0,083x	-0,063	0,127 xx
	PL				
Liczba prosiąt w 21 dniu życia (szt.) Number of piglets at 21 days of age	wbp	0,296 xx	0,012	0,040	0,273 xx
	PLW				
	pbz	0,226 xx	0,120 xx	-0,147xx	0,065
	PL				
Śmiertelność (szt.) Mortality (n)	wbp	-0,078 x	0,032	-0,089x	-0,149 xx
	PLW				
	pbz	0,042	-0,079 x	0,174xx	0,116 xx
	PL				
Wiek pierwszego oproszenia (dni) Age at first farrowing (days)	wbp	-0,148 xx	-0,101 xx	0,080x	-0,055
	PLW				
	pbz	-0,071	-0,012	0,124xx	0,018
	PL				

x i xx – współczynniki korelacji istotne, przy $P < 0,05$ i $P < 0,01$.

x and xx – coefficients of correlation significant at $P < 0.05$ and $P < 0.01$.

W tabeli 3 przedstawiono współczynniki korelacji pomiędzy cechami oceny przyżyciowej a użytkowością rozplodową loch pierwiastek. Wykazano dodatnie korelacje między przyrostami dobowymi i indeksem selekcyjnym a liczbą prosiąt przy urodzeniu i liczbą prosiąt w 21. dniu życia ($P < 0,01$) dla loch obu ras. Ujemna zależność wystąpiła u loch rasy wbp między przyrostami dobowymi a śmiertelnością ($P < 0,05$) i wiekiem pierwszego oproszenia ($P < 0,01$). Wartość indeksu selekcyjnego była ujemnie skorelowana ze śmiertelnością prosiąt u rasy wbp i dodatnio u rasy pbz ($P < 0,01$). Grubość słoniny była dodatnio skorelowana z liczbą prosiąt żywo urodzonych ($P < 0,05$) i liczbą prosiąt w 21. dniu życia ($P < 0,01$), natomiast ujemnie skorelowana ze śmiertelnością prosiąt ($P < 0,05$) u loch pbz oraz z wiekiem pierwszego oproszenia ($P < 0,01$) u loch wbp.

Wykazano ujemną korelację między procentową zawartością mięsa w ciele loch rasy pbz a liczbą prosiąt w 21. dniu życia ($P < 0,01$) i śmiertelnością u loch rasy wbp ($P < 0,05$). Dodatnią zależność między procentową zawartością mięsa w ciele a śmiertelnością stwierdzono u loch rasy pbz ($P < 0,01$) oraz wiekiem pierwszego oproszenia u loch rasy wbp ($P < 0,05$).

Omówienie wyników

Zmiana konstrukcji indeksu selekcyjnego od 2005 r. zwiększyła znaczenie wartości tucznej w ocenie przyżyciowej loch ras matecznych wbp i pbz. Jest to głęboko uzasadnione, gdyż właśnie odpowiednia masa ciała oraz odpowiednia grubość słoniny przy pierwszym kryciu gwarantuje liczniejsze potomstwo (Grzyb i in., 2007; Orzechowska i Tyra, 2000; Rekiel i in., 2000). Nie bez znaczenia jest też związek między otluszczeniem a procesem dojrzewania płciowego, w czym dużą rolę odgrywa leptyna będąca również stymulatorem apetytu (Madeja i in., 2002).

W niniejszym opracowaniu wpływ i oddziaływanie oceny przyżyciowej loch i indeksu selekcyjnego na wyniki użytkowości rozplodowej oszacowano u loch pierwiastek i wieloródek. Liczba prosiąt przy urodzeniu i w 21. dniu życia były dodatnio wysoko istotnie skorelowane z przyrostami dobowymi i wartością indeksu selekcyjnego. Grubość słoniny nie miała tak znamiennej wpływu na liczbę urodzonych i odchowanych prosiąt.

Na niekorzystny wpływ grubości słoniny na efektywność rozrodu wskazywali Matysiak i in., (2007). Jarczyk i in. (2002) natomiast podali, że grubsza słonina loszek w dniu oceny nie ma istotnego wpływu na zwiększenie płodności i wydłużenie okresu jałowienia, natomiast wysoko istotnie wpływa na wcześniejszy wiek urodzenia pierwszego miotu i liczbę urodzonych miotów.

Biorąc pod uwagę potwierdzoną przez nas nieco wyższą mięsność loch rasy wbp oraz istotnie mniejszą liczbę urodzonych i odchowanych przez nie prosiąt, w porównaniu z lochami pbz, można mówić o niekorzystnym wpływie większej mięsności na cechy rozplodowe u świń. Należy tu podkreślić, że cała stawka badanych loch należała do zwierząt odpornych na stres o genotypie *RYRI^{NV}*. Nie było więc dodatkowego czynnika, jakim jest nosicielstwo allelu *n* w locus *RYRI*, kojarzonego z większym umięśnieniem i zmniejszeniem przydatności rozplodowej loch (Bogdzińska, 2007; Mucha i in., 2007; Nyström i Andersson, 1993).

Łyczyński i in. (2000) podkreślali, że doskonalenie i podnoszenie mięsności świń może być przyczyną wystąpienia spadku użytkowości rozplodowej loch. Natomiast Grzyb i in. (2007) wykazali, że zwiększona mięsność loszek rasy pbz i ich mniejsze otluszczenie nie spowodowało pogorszenia wyników użytkowości rozplodowej. Orzechowska i Tyra (2000) odnotowali w badaniach niskie ujemne zależności dla rasy wbp między procentową zawartością mięsa w ciele loch a liczbą prosiąt żywo urodzonych, natomiast dla rasy pbz wykazano wyższe ujemne zależności między liczbą prosiąt w miocie a procentem mięsa w ciele.

Uzyskane w badaniach wyniki oceny przyżyciowej wskazują, że lochy rasy wbp w porównaniu z lochami rasy pbz cechowały się nieco korzystniejszymi wynikami oceny przyżyciowej. Podobne wyniki uzyskali w badaniach Nowachowicz i in. (2003), analizując wyniki oceny przyżyciowej loszek produkowanych w bydgoskim okręgu hodowlanym. Korzystniejsze natomiast cechy rozplodowe wykazywały lochy rasy pbz, gdyż miały liczniejsze mioty przy urodzeniu i w 21. dniu życia.

Zaprezentowana w pracy charakterystyka wartości hodowlanej i reprodukcyjnej loch wbp i pbz użytkowanych w regionie Pomorza i Kujaw, w porównaniu z danymi podanymi dla kraju (POL SUS, 2009), wskazuje na wysoką wartość tego materia-

łu. Cechy tuczne i rzeźne omawianych tu zwierząt odpowiadały średnim krajowym w zakresie standaryzowanego przyrostu dobowego, standaryzowanej grubości słoniny i procentowej zawartości mięsa w tuszy oraz nieco wyższej wartości, o 1 do 2 punktów indeksu selekcyjnego. Liczba urodzonych prosiąt, odchowanych do 21. dnia życia również odpowiadała danym krajowym. Korzystniejsze matomiast loch badanego regionu dotyczyły wcześniejszego o około 10 dni wieku pierwszego oprosienia i krótszego o około 10 dni okresu międzymiotu.

Piśmiennictwo

- Bogdzińska M. (2007). Struktura genetyczna populacji loch rasy pbz i wbp w locus RYR1, ESR i IGF1R. Roczn. Nauk. PTZ, 3, 3: 13–20.
- Grzyb M., Rekiel A., Więcek J. (2007). Wpływ przyrostu dziennego, otłuszczenia i mięsności oszacowanych przyżyciowo loszek rasy pbz na ich użytkowość rozplodową. Roczn. Nauk. PTZ, 3, 2: 71–77.
- Kurył J. (2000). Możliwość praktycznego wykorzystania genów warunkujących rozrodczość i oporność na zakażenia u świń. Mag. Wet., Supl. Świnie, ss. 61–63.
- Kurył J., Wróblewski P. (1992). The effect of halothane-sensitivity gene (*HALⁿ*) in pigs on litter size, piglets live and rate of piglets survival to the age of 9–11 weeks. Anim. Sci. Pap. Rep., 9: 47–52.
- Lyczyński A., Bartkowiak Z., Pospiech E., Urbaniak M. (2000). Wpływ wybranych cech oceny przyżyciowej na użytkowość rozplodową loch. Biul. Nauk., 7: 137–144.
- Madeja Z., Piasecka A., Lechniak D., Świtoński M. (2002). Leptyna polimorfizm genetyczny i rola w rozrodzie. Med. Wet., 58 (8): 572–576.
- Mucha A., Różycki M., Blicharski T. (2007). Użytkowość tuczna, rzeźna i rozplodowa loch zarodowych rasy pbz w zależności od genotypu *RYR1*. Roczn. Nauk. Zoot., 34, 2: 151–156.
- Nowachowicz J., Michalska G., Chojnacki Z., Wasilewski P.D., Buczek T. (2003). Analiza wyników oceny przyżyciowej loszek produkowanych w bydgoskim okręgu hodowlanym. Zesz. Nauk. Prz. Hod., 68, 2: 25–32.
- Nováková J., Křížová H., Matoušek V., Kernerová N. (2000). The effect of genotype *RYR1* on the fertility of Přeštice Black Pied (PC) in breeding herds. Biul. Nauk., 7: 197–201.
- Nyström P.E., Andersson K. (1993). Halothane gene effects on reproduction, production and organ weights in pigs. Acta Agric. Scand., 43: 201–206.
- Omelka R., Peškovičová D., Martiniaková M., Bauer M., Bauerová M. (2006). Effect of the estrogen receptor (*ESR*) and ryanodine receptor (*RYR1*) genes on reproductive traits of Slovak Large White, White Meaty and Landrace pigs. Arch. Tierz., Dummerstorf, 49, 4: 357–362.
- Orzechowska B., Tyra M. (2000). Zależności między oceną przyżyciową a użytkowością rozplodową loch. Biul. Nauk., 7: 327–328.
- Rekiel A., Staniszewski K., Więcek J. (2000). Wpływ dojrzałości rozplodowej na wyniki reprodukcji loch pierwiastek. Biul. Nauk., 7: 233–240.

Zatwierdzono do druku

MARIA BOCIAN, HANNA JANKOWIAK, SALOMEA GRAJEWSKA, L'UDMILA GAJDOŠOVÁ,
JOLANTA KAPELAŃSKA, WOJCIECH KAPELAŃSKI

**Evaluation of breeding and reproductive value of Polish Large White and Polish Landrace sows
from the Kujawy-Pomerania region**

SUMMARY

The aim of the study was to analyse the breeding and reproductive value of Polish Large White (PLW) and Polish Landrace (PL) sows of the *RYR/INN* genotype, used in the Kujawy-Pomerania region in 2007. The performance test accounted for standardized daily gains, average backfat thickness, body lean percentage and selection index value. The reproductive performance test accounted for the number of piglets at 1 and 21 days of age, the age at first farrowing, and farrowing interval.

The study involved 1295 sows (670 PLW sows including 190 primiparas and 480 multiparas; 625 PL sows including 190 primiparas and 435 multiparas). Reproductive value of the sows was evaluated separately for primiparas and multiparas. Compared to PL sows, PLW sows had higher lean percentage measured on live animals (56.94% vs. 57.22%) ($P < 0.05$). PL sows, however, attained better results of reproductive performance compared to PLW sows. They gave birth to and weaned more piglets (11.58 and 11.11 vs. 11.14 and 10.75 pigs), earlier reached the age of first farrowing (340.62 vs. 349.35 days) and had a longer farrowing interval (167.90 vs. 165.50 days) ($P < 0.01$).

Primiparous sows of both breeds, in comparison with multiparous sows, gave birth to less piglets (10.72 vs. 11.18 animals in the PLW breed; 11.31 vs. 11.61 animals in the PL breed) ($P < 0.01$) and weaned less piglets (10.36 vs. 10.78 animals in the PLW breed; $P < 0.01$; 10.86 vs. 11.14 animals in the PL breed; $P < 0.05$). Significant correlations were found between live evaluation traits and reproductive performance traits.

Compared to the national average, PLW and PL sows used in the Kujawy-Pomerania region showed good reproductive performance, were earlier to reach the age of first farrowing, and had a shorter farrowing interval.

Key words: pigs, live evaluation, reproductive performance of sows

IDENTYFIKACJA SEKWENCJI GENU KODUJĄCEGO DEHYDROGENAZĘ NADH 1 U SARNY

Małgorzata Natonek-Wiśniewska, Ewa Słota

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Dział Immuno- i Cytogenetyki Zwierząt,
32-083 Balice k. Krakowa

*Wykrycie komponentów pochodzących od sarny (*Capra hircus*) przysparza wielu problemów. Niejednokrotnie istniejące metody są niewystarczające do identyfikacji DNA sarniego w każdym rodzaju tkanki. Niekompletnie zsekwencjonowany mtDNA tego gatunku dodatkowo komplikuje analizy utrudniając opracowanie nowych metod. Przedmiotem niniejszej pracy była identyfikacja sekwencji genu kodującego dehydrogenazę NADH 1 u *Capra hircus*. Otrzymany w reakcji sekwencjonowania produkt miał wielkość 650 pz. Sekwencje umieszczono w międzynarodowej bazie NCBI (GU199335).*

Analiza mitochondrialnego DNA (mtDNA) jest rutynową metodą stosowaną w badaniach nad przynależnością gatunkową zwierząt domowych i dzikich. Metoda ta jest przydatna w przypadku kłusownictwa, wypadków drogowych z udziałem zwierząt, nielegalnego handlu produktami pochodzącymi od zwierząt zagrożonych wyginięciem czy uzyskiwania nielegalnych produktów spożywczych. Badania można wykonać ze śladów o dużym stopniu degradacji spowodowanej obróbką termiczną, warunkami atmosferycznymi lub z natury zawierających małe ilości jądrowego DNA. Do badań tych wykorzystuje się sekwencje nukleotydowe poszczególnych gatunków umieszczone w międzynarodowej bazie NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Istnieją jednak gatunki, których całkowite mtDNA nie zostało dotychczas zsekwencjonowane. Przykładem może być sarna, której tkanki często są przedmiotem ekspertyz. Z tego względu podjęto próbę zsekwencjonowania genu kodującego dehydrogenazę NADH 1. W prezentowanej pracy przedstawiono wynik tego sekwencjonowania.

Material i metody

Materiałem badawczym były próbki krwi sarny pochodzące od dwóch osobników (s2, s30) oraz próbka krwi kozy (k). Z próbek tych DNA izolowano zestawem Wizard (Promega). W badaniach wykorzystano sekwencję należącą do kozy (*Capra hircus*-NC_005044) analogiczną do poszukiwanej sarniej. Interesujący dla badań fragment

zawarty był między 2741 a 3697 parą zasad. Do fragmentu tego zaprojektowano przy zastosowaniu Primer3 (Rozen i Skaletsky, 1998) startery ograniczające region 180- >873 ND1 *Capra hircus*:

F: 5'- CTTACGACCTGCACATCCT-3

R: 5'- AGTTGGTCGTAACGGAATCG-3

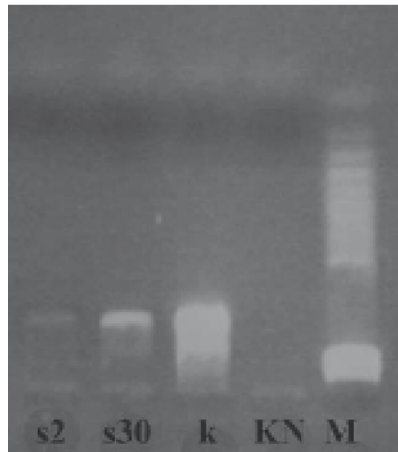
Starterów tych użyto do amplifikacji wcześniej wyizolowanego DNA sarniego (s2, s30), a kontrolą pozytywną reakcji PCR było kozie DNA (k).

Optymalny skład mieszaniny reakcyjnej był następujący: 1 × Bufor; dNTPmix – 1mM; polimeraza AmpliTaq Gold – 1,25 U; MgCl₂ – 1,8 mM, primer mix – 0,8 pmol/μl, DNA – 1,5/μl. Całkowita objętość mieszaniny reakcyjnej wynosiła 25 μl. Amplifikację przeprowadzono przy zastosowaniu programu termicznego o profilu: 95°C – 3 minut, 30 × (94°C – 1 min., 54°C – 1min., 72°C – 1 min.) 72°C – 15 minut.

Produkty amplifikacji oczyszczono enzymem Exo Sap (37°C – 15 min, 80°C – 5 min, 4°C), a następnie sekwencjonowano przy użyciu chemii BigDye Terminator 1.1 (Applied Biosystems) oraz starterów użytych do reakcji PCR. Produkty sekwencjonowania rozdzielono w 4 % żelu poliakrylamidowym, a odczytu sekwencji dokonano na automatycznym sekwenatorze (Applied Biosystems).

Wyniki

Zastosowane startery umożliwiające powielenie fragmentu genu kodującego dehydrogenazę NADH 1 u kozy *Capra hircus*, pozwoliły na otrzymanie produktu reakcji PCR dla sarniego DNA (Fot.1). Otrzymany produkt amplifikacji sekwencjonowano, a odczytana sekwencję porównano do sekwencji *Capra hircus* przy zastosowaniu BLASTu (Altschul i in., 1997).



Fot.1. Wynik reakcji PCR. W kolejnych studzienkach znajduje się produkt reakcji PCR, w której matrycą było DNA wyizolowane z próbek krwi sarny (s2), sarny (s30) i kozy (k).

KN oznacza kontrolę negatywną reakcji PCR. M – marker wielkości (25pz)

Fig. 1. Result of PCR. Lanes contain a PCR product, in which the matrix was DNA isolated from blood samples of roe deer (s2), roe deer (s30) and goat (k). KN designates negative control of the PCR reaction. M – size marker (25bp)

Dopasowanie otrzymanej sekwencji z sekwencją źródłową z GenBanku przedstawia poniższy diagram, gdzie „ch” oznacza sekwencje 2741-> 3696 *Capra hircus* (NC_005044), a „cc” otrzymaną sekwencję.

```

ch 195 ATCCTCAATCTCAATATTTATTCTAGCCCCATTTAGCTCTGACCCTAGCCTTAACCAT
      |||
cc 1   ATCCTCAATCTCAATATTTATTCTAGCCCCATTTAGCCCTAAGCTTAGCCCTAACCAT

ch 255 ATGAATTCCCCTACCCATACCCTACCCCCTAATAACATAAAATTTAGGAGTCTCTTCAT
      |||
cc 61  ATGAATTCCCCTACCCATACCATATCCTCTTATAAATAAAATTTAGGGGTCTATTAT

ch 315 ATTAGCTATATCAAGCTTAGCCGTATACTCAATTCTCTGATCAGGCTGAGCTTCCAACCT
      |||
cc 121 ACTAGCAATATCAAGCCTAGCTGTATATTCATCCTCTGATCAGGCTGGGCTTCTAACTC

ch 375 AAAATATGC-TCTCATTTGGAGC-CTTACGAGCAGTAGCACAAACAATTTTCATATGAAGTA
      |||
cc 181 TAAATACGCAT-TAATTGGAGCTCT-ACGAGCAGTAGCTCAAACAATTTTCATACGAAGTA

ch 433 ACACTAGCAATTATCCTACTGTCAAT-CTTACTAATAAACGGATCCTTTTCGC-CTCTCTA
      |||
cc 239 ACCCTAGCAATTATTTACTATCCGTTCTC-CTAATAAATGGATCCTT-CACACTCTCTA

ch 491 CACTAATTATTACACAGGAACAAGTATGACTAATCTTCCAGCATGACCTCTAGCAATAA
      |||
cc 297 CCCTAATTATTACGCAAGAACAAGTATGATTAATCTTCCAGCATGACCTTTAGCTATAA

ch 551 TGTGATTTCATCTCAACACTAGCAGAAACAACCGAGCACCATTTGACCTGACCGAAGGAG
      |||
cc 357 TATGATTTCATTTCAACATTAGCAGAAACAATCGAGCCCTTTTACCTTACCGAAGGCG

ch 611 AATCCGAACTAGTATCAGGCTTCAACGTAGAATATGCCGGC-GGACCATTTGCCCTATTT
      |||
cc 417 AATCAGAACTAGTCTCAGGCTTCAACGTAGAGTATGCAG-CAGGACCATTGCCCTATTT

ch 670 TTCATAGCAGAATATGCTTATATTATAATAAAATATCTTCACAACAACCTCTC-TTCCT
      |||
cc 476 TTCATAGCAGAATATGCAAACATTATTATAATAAAATTTTTACAACAA-TCTTATTCCT

ch 729 AGGAGCATTTCACAGCCCCATATA-CCAGAACTCTACACAATTAACCTTATTATCAAAAT
      |||
cc 535 AGGAGCATTTCACAACCCA-ATTTGCCAGAACTCTATAACAATTAACCTCACATTAAAT

ch 788 CACTCCTACTTACAATCACTTTTCTTATGAATCCGAGCATCCTACCCCGATTCCGT
      |||
cc 594 CACTCCTACTAACAATTTCTTTCTTATGGATCCGAGCATCATACCCTCGATTCCGT

```

Produkt sekwencjonowania jest w 86% homologiczny z sekwencją *Capra hircus* (NC_005044).

Otrzymana sekwencję umieszczono w międzynarodowej bazie NCBI (GU199335).

Dyskusja

Analiza mtDNA jest użytecznym narzędziem identyfikacji gatunkowej zwierząt hodowlanych i dzikich. Większość opracowanych metod identyfikacji gatunkowej dotyczy zwierząt hodowlanych (Bottero et al., 2003; Lahiff et al., 2001), natomiast wykrywanie materiału pochodzącego od zwierząt dzikich rzadziej jest przedmiotem badań. Wyróżniający się wkład do badań nad metodami wykrywania komponentów pochodzących od zwierząt wolnożyjących należy do Fajardo, który proponuje identyfikację fragmentu 12SrRNA o wielkości około 712 pz dla jeleni, danieli, saren, bydła owiec i kóz (Fajardo i in., 2006). Otrzymany produkt PCR następnie różnicuje gatunkowo przy zastosowaniu trzech enzymów restrykcyjnych. Metoda ta jednak niesie ze sobą pewne ograniczenia spowodowane trudniejszą i nie zawsze możliwą identyfikacją materiału pochodzącego od sarny. Ponadto mtDNA tego gatunku nie zostało również całkowicie zsekwencjonowane co dodatkowo utrudnia identyfikacje komponentów pochodzących od niego.

Opisywana w niniejszej pracy sekwencja o długości 650 pz i numerze akcesyjnym GU199335 w międzynarodowej bazie NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) znajduje się w locus genu kodującego dehydrogenazę 1 (ang. NADH dehydrogenase subunit 1), której produktem jest białko o numerze identyfikacyjnym ACZ82358.1

W zidentyfikowanej sekwencji nukleotydowej występuje jedynie kodon start (zaczynający się w pozycji 2 nukleotydu w sekwencji GU199335), natomiast nie występuje kodon stop.

Wykryta sekwencja ma znaczenie zarówno poznawcze jak również może się przyczynić do opracowania lepszych metod identyfikacji mtDNA sarny.

Piśmiennictwo:

- Altschul S., Madden T., Schäffer A., Zhang J., Zhang Z., Miller W., Lipman D. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res.*, 25: 3389–3402.
- Bottero M.T., Dalmasso I.A., Nucera D., Turi R.M., Rosati S., Squadrone S., Gorla M., Civera T. (2003). Development of a PCR assay for the detection of animal tissues in ruminant feeds. *J. Food Prot.*, 66 (12): 2307–12.
- Fajardo V., González I., López-Calleja I., Martín I., Rojas M., Pavón Miguel A., Hernández P., García T., Martín R. (2007). Analysis of mitochondrial DNA for authentication of meats from chamois (*Rupicapra rupicapra*), Pyrenean ibex (*Capra pyrenaica*), and mouflon (*Ovis ammon*) by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism. *J.AOAC Int.*, 90: 179–186.

- Lahiff S., Glennon M., O'Brien L., Lyng J., Smith T., Maher M., Shilton N. (2001). Species-specific PCR for the identification of ovine, porcine and chicken species in meat and bone meal (MBM). *Mol Cell Probes* 15: 27–35.
- Rozen S., Skaletsky H. (1998). Primer 3. http://www.genome.wi.mit.edu/genome_software/other/primer3.html

Accepted for printing 27 X 2010

MAŁGORZATA NATONEK-WIŚNIEWSKA, EWA SŁOTA

Sequencing the gene coding for NADH 1 dehydrogenase in roe deer

SUMMARY

Identification of components from roe deer (*Capra hircus*) causes many problems. The existing methods are often inadequate to identify roe deer DNA in all tissue types. The fact that mtDNA of this species is not completely sequenced makes the analyses even more complicated by hindering the development of new methods. The aim of this study was to sequence the gene encoding NADH 1 dehydrogenase in *Capra hircus*. The product obtained from sequencing reaction was 650 bp in length. The sequences were submitted to NCBI database (GU199335).

Key words: *Capreolus capreolus*, *Capra hircus*, PCR, NADH 1 sequencing

ZMIENNOŚĆ MIĘDZYRASOWA CECH FIZYCZNYCH EJAKULATÓW KNURÓW UŻYTKOWANYCH W STACJI UNASIENIANIA LOCH

Muczyńska Elwira^{1,2}, Kondracki Stanisław¹, Wysokińska Anna¹

¹Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny, Katedra Rozrodu i Higieny Zwierząt, ul. B. Prusa 14,
08-110 Siedlce

²Mazowieckie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o., ul. Topolowa 49,
99-400 Łowicz

Celem badań była ocena wpływu zmienności międzyrasowej na cechy fizyczne ejakulatów knurów użytkowanych w Stacji Unasieniania Loch. Analizą objęto 39 687 ejakulatów pobranych od 305 knurów różnych ras i mieszańców dwurasowych użytkowanych w jednej stacji unasieniania loch. Ejakulatory pobierano metodą manualną. Ocenie poddano wszystkie ejakulatory pobrane od knurów użytkowanych w stacji, tj. od 163 knurów rasy pbz, 46 knurów rasy wbp, 26 knurów rasy pietrain, 15 knurów ras duroc, 13 knurów rasy hampshire, 8 knurów linii 990, 18 knurów mieszańców duroc × pietrain, 7 knurów pietrain × duroc, 5 knurów hampshire × pietrain, 2 knurów hampshire × duroc oraz 2 knurów linii 990 × pietrain. Na podstawie przeprowadzonych badań wykazano istotną zmienność międzyrasową w zakresie większości badanych cech ejakulatu. Spośród osobników czystorasowych jakościowo najlepsze ejakulatory, tj. o dużej objętości i koncentracji plemników oraz o wysokim odsetku plemników wykazujących ruch postępowy miały knury rasy pbz, a spośród mieszańców dwurasowych knury hampshire × pietrain.

O efektywności produkcji zwierzęcej decydują cechy reprodukcyjne. Takie cechy zależą od wielu czynników genetycznych i środowiskowych, między innymi od rasy knura, jego wieku, sposobu utrzymania, intensywności eksploatacji, mikroklimatu, żywienia. Wpływem rasy knura na cechy ejakulatu zajmowało się wielu autorów (Benkoy i in., 1993; Borg i in., 1993; Kondracki i Banaszewska, 1999), jednak wyniki badań nie zawsze były jednoznaczne. Genotyp rozplodnika rozumieć należy nie tylko jako rasę, ale także jako wariant krzyżowania (w przypadku knurów mieszańców) oraz syntetyczną linię genetyczną w odniesieniu do oferowanych przez niektóre firmy knurów hybrydowych (Kondracki, 2006)). Ejakulatory knurów odmiennych genotypów różnią się objętością, koncentracją plemników, ogólną liczbą plemników w ejakulacie oraz liczbą sporządzonych dawek inseminacyjnych (Szostak, 2003). Stwierdza się też znaczące różnice w ruchliwości plemników oraz ich zdolności do zapłodnienia (Borg i in., 1993; Park i Yi, 2002; Kondracki, 2003). W niniejszej pracy przeprowadzono analizę cech ejakulatów otrzymywanych od knurów różnych ras i mieszańców dwurasowych użytkowanych w stacji unasieniania loch.

Material i metody

Badania przeprowadzono na materiale 39 687 ejakulatów pobranych od 305 knurów różnych ras i mieszańców dwurasowych użytkowanych w Stacji Unasieniania Loch w Teodorowie w latach 1996–2007. Ejakulatory pobierano metodą manualną. Ocenie poddano wszystkie ejakulatory pobrane od knurów użytkowanych w stacji, tj. od 163 knurów rasy pbz, 46 knurów rasy wbp, 26 knurów rasy pietrain, 15 knurów ras duroc, 13 knurów rasy hampshire, 8 knurów linii 990, 18 knurów mieszańców duroc × pietrain, 7 knurów pietrain × duroc, 5 knurów hampshire × pietrain, 2 knurów hampshire × duroc oraz 2 knurów linii 990 × pietrain.

Tabela 1. Liczba ejakulatów pobranych od knurów poszczególnych ras
Table 1. Number of ejaculates obtained from boars of different breeds

Rasa Breed	Liczba knurów Number of boars	Liczba ejakulatów Number of ejaculates
WBP	46	5992
PLW		
PBZ	163	18 710
PL		
HAMPSHIRE	13	1699
DUROC	15	1585
PIETRAIN	26	3291
LINIA 990	8	1255
LINE 990		
HAMPSHIRE × DUROC	2	120
HAMPSHIRE × PIETRAIN	5	867
DUROC × PIETRAIN	18	2658
PIETRAIN × DUROC	7	1154
LINIA 990 × PIETRAIN	2	255
LINE 990 × PIETRAIN		

Każdy ejakulat poddano standardowej ocenie makro- i mikroskopowej określając podstawowe cechy fizyczne, tj. objętość ejakulatu, koncentrację plemników, ogólną liczbę plemników w ejakulacie, procent plemników wykazujących ruch postępowy. Ponadto, obliczono liczbę dawek inseminacyjnych możliwych do wykonania z każdego ejakulatu. Cechy nasienia określono na świeżo pobranych ejakulatach według metodyki obowiązującej w Stacjach Unasieniania Loch. Dane zestawiono odrębnie dla każdej rasy. Wyniki opracowano statystycznie metodą analizy wariancji. O istotności różnic międzygrupowych wnioskowano na podstawie testu Tukey'a.

Wyniki i ich omówienie

W tabeli 2 przedstawiono dane charakteryzujące cechy badanych ejakulatów w zależności od rasy knura oraz wariantu krzyżowania. Wykazano istotną zmienność międzyrasową w zakresie większości badanych cech ejakulatu. Spośród osobników

czysto rasowych jakościowo najlepsze ejakulatory, tj. o dużej objętości i dużej koncentracji plemników oraz o wysokim odsetku plemników wykazujących ruch postępowy wytwarzały knury rasy pbz i wbp. Z jednego ejakulatu knurów rasy pbz sporządzono ponad 28 dawek inseminacyjnych, a z ejakulatu knurów rasy wbp 27 dawek inseminacyjnych. Najmniejszą liczbę dawek inseminacyjnych uzyskiwano z ejakulatu knurów rasy duroc (średnio 19,21) i hampshire (średnio 22,66) oraz od knurów linii 990 (średnio 22,09). Ejakulatory knurów rasy duroc i hampshire oraz linii 990 miały istotnie mniejszą objętość i zawierały mniej plemników o ruchu postępowym niż ejakulatory knurów pozostałych ras.

Ejakulatory knurów rasy duroc charakteryzowały się bardzo małą objętością (176,10 ml) ale dużą koncentracją plemników (529,27 tys./mm³). Uzyskane dane wskazują, że w zakresie koncentracji plemników w ejakulacie ekspresja genów rasy duroc u mieszańców jest silniejsza niż rasy hampshire, ponieważ wartość tej cechy u mieszańców hampshire × duroc była zbliżona do rasy duroc, a znacznie odległa od wartości stwierdzanych w przypadku ejakulatów knurów rasy hampshire.

Od mieszańców dwurasowych hampshire × pietrain otrzymywano ejakulatory o największej objętości (289,44 ml) i największym odsetku plemników wykazujących ruch postępowy (80,02%). Z jednego ejakulatu tych knurów sporządzano najwięcej dawek inseminacyjnych (średnio 31,08). W ejakulatach mieszańców hampshire × pietrain stwierdzono najmniejszą koncentrację plemników (418,45 tys./mm³). W ejakulatach rozplodników hampshire × duroc koncentracja plemników była o 135,24 tys./mm³ większa niż w ejakulatach mieszańców hampshire × pietrain ($P \leq 0,01$). Ejakulatory mieszańców wszystkich wariantów krzyżowania charakteryzowały się większym odsetkiem plemników wykazujących ruch postępowy niż ejakulatory rozplodników czysto rasowych ($P \leq 0,01$).

Na podstawie analizy przeprowadzonych badań można stwierdzić, że ejakulatory najliczniej reprezentowanych ras czystych wbp i pbz charakteryzują się korzystnymi cechami. Dobrą jakość ejakulatów uzyskiwanych od knurów rasy pbz i wbp stwierdzili we wcześniej przeprowadzonych badaniach Pawlak i in. (1990) oraz Szostak (2003). Wyniki badań uzyskane przez Kondrackiego i Banaszewską (1999) wskazują, że najkorzystniejsze cechy mają ejakulatory knurów pbz-24. Nasienie tych knurów charakteryzowało się największą objętością, dużą koncentracją plemników i dużym odsetkiem plemników wykazujących prawidłowy ruch. Również w badaniach Pokrywki i in. (2001) oraz Szostaka (2003) stwierdzono, że największą objętość ejakulatu wykazują knury rasy pbz.

W niniejszych badaniach wykazano, że ejakulatory knurów rasy duroc charakteryzują się dużą koncentracją plemników. Z jednego ejakulatu knurów tej rasy uzyskuje się mniej dawek inseminacyjnych niż z ejakulatów knurów innych ras. Podobne wyniki badań otrzymał Kondracki (2006) analizując cechy nasienia knurów różnych ras. Knury mieszańcowe pochodzące po ojcach duroc z reguły mają małą objętość ejakulatu przy dużej koncentracji plemników. Cecha ta jest utrwalona w genotypie knurów duroc i charakteryzuje również mieszańce z udziałem tej rasy na skutek wystąpienia heterozji ojcowskiej (Pokrywka i Ruda, 2001; Knecht i in., 2004). Jest to bardzo charakterystyczne dla knurów tej rasy i potwierdza wyniki uzyskane wcześniej przez Parka i Yi (2002), Kondrackiego (2003) oraz Carvajala i in. (2004).

Wyniki niniejszych badań wskazują, że knury mieszańce charakteryzują się dobrą jakością wytwarzanych ejakulatów. Stwierdzono, że spośród osobników mieszańcowych jakościowo najlepsze ejakulatory, tj. o dużej objętości i dużym odsetku plemników wykazujących ruch postępowy wytwarzały knury mieszańce hampshire × pietrain. Z jednego ejakulatu tych knurów uzyskano najwięcej dawek inseminacyjnych. Pozytywny obraz wpływu krzyżowania tych ras na cechy nasienia widoczny był także w badaniach Knechta i in. (2004). W badaniach tych stwierdzono, że knury hampshire × pietrain produkowały ejakulatory o największej objętości. Ejakulatory tych knurów odznaczały się jednocześnie mniejszą koncentracją plemników niż ejakulatory knurów innych ras. Nasienie knurów mieszańców zwykle charakteryzuje się większą koncentracją i większą ogólną liczbą plemników oraz lepszą ich ruchliwością niż nasienie rozplodników czystych ras (Kondracki, 2003; Wysokińska i Kondracki, 2004; Udała i in., 2005; Kondracki i in., 2006; Brucka-Jastrzębska i in., 2008). Z jednego ejakulatu knurów mieszańców uzyskuje się zazwyczaj więcej dawek inseminacyjnych niż z ejakulatów knurów czysto rasowych (Kondracki i in., 2002; Szostak, 2003). Knury mieszańce charakteryzują się zwykle dobrą jakością wytwarzanych ejakulatów, o czym świadczą efekty heterozji pokazujące przewagę mieszańców nad rozplodnikami czysto rasowymi (Smital i in., 2004; Wysokińska i Kondracki, 2004; Smital, 2009; Wysokińska i in., 2008). Inni autorzy stwierdzili, że knury mieszańce wytwarzają ejakulatory o pośrednim poziomie głównych cech ilościowych względem rozplodników czysto rasowych, ale jednocześnie o wysokim poziomie cech jakościowych ejakulatów (Czarnecki i in., 1999; Gączarzewicz i in., 2000; Kawęcka, 2002; Kondracki i in., 2002).

Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że rasa knura wywiera istotny wpływ na większość cech nasienia. Najkorzystniejszymi cechami z punktu widzenia inseminacji odznaczają się ejakulatory pobierane od knurów mieszańcowych hampshire × pietrain i czysto rasowych pbz oraz wbp. Z ejakulatów knurów tych ras sporządzano największą liczbę dawek inseminacyjnych. Od knurów rasy duroc otrzymuje się ejakulatory o małej objętości, ale o dużej koncentracji plemników. Z jednego ejakulatu knurów tej rasy przygotowuje się mniej dawek inseminacyjnych niż z ejakulatu knurów pozostałych ras.

Tabela 2. Cechy ejakulatów pobieranych od knurów poszczególnych ras
 Table 2. Physical traits of boar ejaculates obtained from boars of different breeds

Wyszczególnienie Item	Rasa/Breed										NIR0,05	NIR0,01	
	WBP PLW	PBZ PL	HAMP- SHIRE	DUROC	PIE- TRAIN	LINIA 990 LINE 990	HAMP- SHIRE x DUROC	HAMP- SHIRE x PIETRAIN	DUROC x PIETRAIN	PIETRAIN x DUROC			LINIA 990 x PIETRAIN LINE 990 x PIETRAIN
Objętość ejakulatu (ml)	\bar{x} 261,09	280,59	229,50	176,10	249,67	222,89	224,73	289,44	231,22	198,40	209,82	9,81	11,08
Ejaculate volume (ml)	Sd 102,81	102,23	70,55	72,77	99,56	61,46	50,11	90,41	89,02	69,44	59,91		
Koncentracja płemników (tys./mm ³)	\bar{x} 470,98	430,30	425,69	529,27	449,40	462,28	553,69	418,45	455,75	476,45	488,71	11,77	13,29
Sperm concentration (thous./mm ³)	Sd 132,52	110,91	120,54	155,36	115,52	145,29	83,77	79,74	105,87	81,98	95,79		
Procent płemników o ruchu postępowym	\bar{x} 77,18	77,13	75,73	76,86	77,47	75,07	80,00	80,02	79,47	79,99	80,00	0,46	0,52
Percentage of spermatozoa with progressive motility	Sd 4,98	4,88	5,29	5,10	4,73	5,44	1,30	0,83	2,39	0,51	1,54		
Liczba dawek inseminacyjnych (szl)	\bar{x} 27,02	28,21	22,66	19,21	26,27	22,09	28,88	31,08	25,94	23,39	24,66	0,94	1,06
Number of insemination doses	Sd 10,11	9,46	8,07	7,63	8,98	6,62	6,86	8,12	9,36	7,43	6,77		

Piśmiennictwo

- Benkoy B., Szostak B., Benkoy I., Tabanska M. (1993). Izsledvane kachestveni pokazateli na sperma ot nefezii hampshir i hibridni hampshir x belgijska landrace. *Zivot. Nauki*, 8: 21–25.
- Borg K.E., Lunstra D.D., Christenson R.K. (1993). Semen characteristics, testicular size and reproductive hormone concentrations in mature Duroc, Meishan, Fengjing, and Minzhu boars. *Biol. Reprod.*, 49 (3): 515–521.
- Brucka-Jastrzębska E., Białek M., Brzezińska M., Kawczuga D., Drewnowski W., Lisiecki L. (2008). Parametry ejakulatu w zależności od rasy świń. *Med. Wet.*, 64 (10): 1248–1251.
- Carvajal G., Cuello C., Ruiz M., Vazquez J.M., Martinez E.A., Roca J.J. (2004). Effects of centrifugation before freezing on boar sperm cryosurvival. *J. Androl.*, 25: 389–396.
- Czarnecki R., Różycki M., Udała J., Kawęcka M., Kamyczek M., Pietruszka A., Delikator B. (1999). The growth rate, meatiness value and reproductive performance of young Duroc boars and their hybrids with the Pietrain breed. *Rocz. Nauk. Zoot., Suppl.*, 3: 105–110.
- Gączarzewicz D., Udała J., Lasota B., Błaszczuk B. (2000). Kształtowanie się wybranych wskaźników oceny jakościowej i biochemicznej nasienia knurów eksploatowanych w zakładzie unasienniania zwierząt. *Zesz. Nauk. Prz. Hod.*, 48: 93–102.
- Kawęcka M. (2002). Zależności między tempem wzrostu i mięsnością młodych knurów populacji ojcowskich a ich przydatnością do rozrodu. *Rozprawy. AR Szczecin*, 206.
- Knecht D., Jasek S., Procał A., Krzyżewski P. (2004). Skuteczność unasienniania loch knurami czystej rasy i mieszańcami. *Med. Wet.*, 60 (11): 1208–1211.
- Kondracki S. (2003). Breed differences in semen characteristics of boars used in artificial insemination in Poland. *Pig News and Information*, 24 (4): 119–122.
- Kondracki S. (2006). Znaczenie inseminacji jako podstawowej biotechniki w rozrodzie świń. *Rocz. Nauk. PTZ*, 2, Suppl. 1: 77–101.
- Kondracki S., Banaszewska D. (1999). Jakość nasienia knurów inseminacyjnych. *Zesz. Nauk. AR. Kraków*, 352: 145–150.
- Kondracki S., Wysokińska A., Banaszewska D., Zajda J. (2006). Variability evaluation of boar semen characteristics according to the breed. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 24 (3): 121–129.
- Kondracki S., Wysokińska A., Czczot M. (2002). Ocena jakości ejakulatów knurów ras hampshire i pietrain oraz mieszańców (hampshire × pietrain) z uwzględnieniem wpływu pory roku. *Ekologia-ekonomiczni problemy rozkwitu, APK Lwów*, 2: 466–477.
- Park C.S., Yi Y.J. (2002). Comparison of semen characteristics, sperm freezability and testosterone concentration between Duroc and Yorkshire boars during seasons. *Anim. Rep. Sci.*, 73: 53–61.
- Pawlak H., Szwaczkowski T., Mindykowska D. (1990). Powtarzalność wybranych cech nasienia knurów. *Zesz. Probl. Post. Nauk Roln.*, 384: 131–134.
- Pokrywka K., Ruda M. (2001). The quality of selected features of boar ejaculators on the basis of intervals of sperm collection and season of the year. *Mat. XXXI Konf., Zesz. Nauk. AR Wrocław*, 405: 211–221.
- Smital J. (2009). Effects influencing boar semen. *Anim. Reprod. Sci.*, 110: 335–346.
- Smital J., De Sousa L.L., Mohnsen A. (2004). Differences among breeds and manifestation of heterosis in AI boar sperm output. *Anim. Reprod. Sci.*, 80: 121–130.
- Szostak B. (2003). Wpływ genotypu, wieku knura i sezonu eksploatacji na wybrane cechy ejakulatów. *Zesz. Nauk. Prz. Hod.*, 68, 2: 147–155.
- Udała J., Gączarzewicz D., Lasota B., Błaszczuk B., Seremak B., Stankiewicz T. (2005). Charakterystyka zmian budowy morfologicznej plemników knurów użytkowanych w inseminacji. *Folia Univ. Agric. Stetin, Zoot.*, 243 (47): 161–172.
- Wysokińska A., Kondracki S. (2004). Heterosis effects on physical traits of ejaculate in Duroc × Pietrain and Hampshire × Pietrain crossbred boars. *Anim. Sci. Pap. Rep.*, 22 (4): 595–601.
- Wysokińska A., Kondracki S., Banaszewska D. (2008). Ocena przydatności inseminacyjnej ejakulatów pozyskiwanych od knurów mieszańców dwurasowych. *Post. Nauk Roln.*, 4–5: 65–72.

MUCZYŃSKA ELWIRA, KONDRACKI STANISŁAW, WYSOKIŃSKA ANNA

Between-breed variation in physical characteristics of ejaculates from boars used in Sow Insemination Centre

SUMMARY

The aim of the study was to assess the impact of between-breed variation in physical characteristics of ejaculates from boars used in Sow Insemination Centre. The analysis involved 39,687 ejaculates taken manually from 305 boars of various breeds and two-breed crosses used in one sow insemination centre. Evaluation was made of all ejaculates obtained from the boars used in the centre, i.e. 163 purebred Polish Landrace boars, 46 Polish Large White boars, 26 Pietrain boars, 15 Duroc boars, 13 Hampshire boars, 8 Line 990 boars, Duroc × Pietrain (18 boars), Pietrain × Duroc (7 boars), Hampshire × Pietrain (5 boars), Hampshire × Duroc (2 boars), Line 990 × Pietrain (2 boars). Significant between-breed variation was demonstrated for most ejaculate characteristics investigated. Best-quality ejaculates (large ejaculate volume, sperm concentration and percentage of spermatozoa with progressive motility) were found in Polish Landrace boars among purebred animals, and in Hampshire × Pietrain boars among two-breed crosses.

Key words: breed, ejaculate, boar

WPLYW PORY ROKU NA WŁAŚCIWOŚCI FIZYCZNE EJAKULATU KNURÓW RAS WBP I PBZ

Agnieszka Adamiak^{1,2}, Stanisław Kondracki¹, Anna Wysokińska¹

¹Uniwersytet Przyrodniczo-Humanistyczny, Katedra Rozrodu i Higieny Zwierząt,
ul. Prusa 14, 08-110 Siedlce

²Mazowieckie Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu,
ul. Topolowa 49 99-400 Łowicz, Zakład w Ciechanowie

Badania przeprowadzono na 21 327 ejakulatach pobranych od 20 knurów rasy wbp i 107 knurów rasy pbz w latach 1996–2007. Badaniami objęto wszystkie ejakulatory pobrane i zakwalifikowane do inseminacji w Stacji Unasieniania Loch w Ciechanowie należącej do Mazowieckiego Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu. Nasienie pobrano metodą manualną. Laboratoryjnie oceniono następujące parametry nasienia: objętość ejakulatu bez frakcji galaretowatej, koncentrację plemników, odsetek plemników wykazujących ruch postępowy, ogólną liczbę plemników w ejakulacie, średnią liczbę plemników w dawce inseminacyjnej oraz liczbę dawek inseminacyjnych uzyskanych z jednego ejakulatu. Zebrane dane analizowano według kryterium pory roku wyszczególniając ejakulatory pobierane w poszczególnych miesiącach. Wyniki oszacowano statystycznie metodą analizy wariancji. O istotności różnic między grupami wnioskowano na podstawie testu Tukey'a. Wykazano, że najkorzystniejsze ejakulatory pozyskiwano od knurów w miesiącach jesienno-zimowych. W tym okresie knury produkowały ejakulatory o największej objętości i największej liczbie plemników. Z tych ejakulatów przygotowano najwięcej dawek inseminacyjnych. W okresie wiosenno-letnim wydajność ejakulacji znacząco malała, mniejsza była objętość pozyskanych ejakulatów oraz mniejsza liczba plemników wykazujących ruch postępowy niż w okresie jesienno-zimowym. Oddziaływanie czynników sezonowych miało podobny wpływ na jakość nasienia knurów zarówno rasy wbp jak i rasy pbz.

Postęp w doskonaleniu użyteczności mięsnej świń łączy się z wieloma ujemnymi następstwami, takimi jak: gorsza reprodukcja loch, zwiększone upadki prosiąt w trakcie odchowu, podatność na stres (Kawęcka, 2002). Głównymi nośnikami postępu są knury i jako rozplodniki powinny charakteryzować się bardzo dobrymi parametrami nasienia oraz dobrym zdrowiem i kondycją fizyczną. Około 40% knurów kierowanych do rozplodu podlega brakowaniu z powodu osłabienia lub zaniku popędu płciowego, niskiej jakości nasienia oraz niewydolności fizycznej (Knecht i in., 2004).

Sztuczne unasienianie odgrywa bardzo ważną rolę w masowym rozrodzie trzody chlewnej. Postępujący rozwój inseminacji świń w Polsce przyczynił się do rozwoju badań nad efektywnym wykorzystaniem nasienia knurów. W inseminacji nasieniem

pozyskanym od jednego knura można skutecznie zapłodnić kilkaset loch. Ważne jest zatem, aby knury odznaczały się wysoką wartością użytkową. Nie mniej jednak występują pewne różnice w zakresie ilości i jakości ejakulatu między poszczególnymi rozplodnikami. Knury poszczególnych ras lub ich mieszańce mogą wykazywać różnice w zakresie objętości ejakulatu, koncentracji i ruchliwości plemników (Wysokińska i in., 2005). Cechy te mogą ulegać też zmianom pod wpływem różnych czynników środowiska, np. pory roku, temperatury, warunków świetlnych, wilgotności (Kondracki i in., 2004). Zmiany sezonowe uwidaczniają się przede wszystkim obniżeniem popędu płciowego w okresie letnim. W stacjach inseminacyjnych towarzyszy temu wzrost liczby ejakulatów nie zakwalifikowanych do rozrzedzenia, gdyż cechuje je spadek ruchliwości i wzrost liczby morfologicznie zmienionych plemników.

Celem niniejszych badań było wykazanie różnic rasowych w parametrach ejakulatu knurów rasy wbp i pbz w poszczególnych miesiącach w ciągu roku.

Material i metody

Badania przeprowadzono na 21 327 ejakulatach pobranych od 20 knurów rasy wbp i 107 knurów rasy pbz w latach 1996–2007 (tab. 1). Badaniami objęto wszystkie ejakulatory pobrane i zakwalifikowane do inseminacji w Stacji Unasieniania Loch w Ciecchanowie należącej do Mazowieckiego Centrum Hodowli i Rozrodu Zwierząt Sp. z o.o. w Łowiczu. Wszystkie knury, od których uzyskano nasienie utrzymywane były w chlewni w ujednoliconych warunkach środowiska odpowiadającym obowiązującym normom. Zwierzęta były wolne od chorób zakaźnych i chorób związanych z rozrodem, objęte rutynowym postępowaniem profilaktycznym oraz miały zapewnioną stałą opiekę weterynaryjną.

Tabela 1. Liczba knurów i ejakulatów poddanych ocenie cech fizycznych
Table 1. Number of boars and ejaculates examined for physical characteristics

Rasa Breed	Liczba knurów Number of boars	Liczba ejakulatów Number of ejaculates
wbp – PLW	20	3597
pbz – PL	107	17 730
Razem/Total	127	21 327

Ejakulatory od knurów pobierano metodą manualną, nazywaną również metodą japońską (King and Macpherson, 1973). Pozyskany materiał podlegał ocenie według norm Centralnej Stacji Hodowli Zwierząt. Ocenie poddano następujące parametry nasienia:

- objętość ejakulatu bez frakcji galaretowatej (ml),
- koncentracja plemników (tys/mm³),
- odsetek plemników wykazujących ruch postępowy (%),
- ogólna liczba plemników w ejakulacie (mld),
- średnia liczba plemników w dawce inseminacyjnej (mld),
- liczba dawek inseminacyjnych uzyskanych z jednego ejakulatu (szt).

Objętość ejakulatu określono po odsączeniu frakcji galaretowatej na podstawie masy ejakulatu za pomocą wagi elektronicznej. Koncentrację plemników w ejakulacie określono metodą kolorymetryczną przy użyciu spektrofotometru. Metoda ta polega na pomiarze natężenia światła przepuszczonego przez zawiesinę plemników w izotonicznym dla nasienia roztworze chlorku sodu lub cytrynianu sodu. Odsetek plemników o ruchu prawidłowym określono za pomocą mikroskopu. Pod mikroskopem w powiększeniu 200-krotnym szacunkowo określono procentowy udział plemników wykazujących prawidłowy ruch w ogólnej liczbie plemników widocznych w polu widzenia. Ogólną liczbę plemników wykazujących ruch i liczbę dawek inseminacyjnych uzyskiwanych z jednego ejakulatu obliczono przy wykorzystaniu programu komputerowego SYSTEM SUL.

Zebrane wyniki podzielono na 12 podgrup obejmujących ejakulaty pobierane w poszczególnych miesiącach roku (tab. 2).

Tabela 2. Liczba ejakulatów badanych w poszczególnych miesiącach
Table 2. Number of ejaculates examined in different months

Rasa Breed	Miesiąc/Month											
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII
wbp	321	288	334	309	306	289	283	263	280	304	300	320
PLW												
pbz	1449	1394	1557	1504	1621	1517	1522	1395	1398	1428	1493	1452
PL												

Analizę zmienności badanych cech nasienia przeprowadzono według następującego modelu matematycznego:

$$Y_{ijk} = \mu + a_i + b_j + ab_{ij} + e_{ijk}$$

gdzie:

Y_{ijk} – wartość badanej cechy,

μ – średnia populacji,

a_i – efekt rasy knura,

b_j – efekt pory roku,

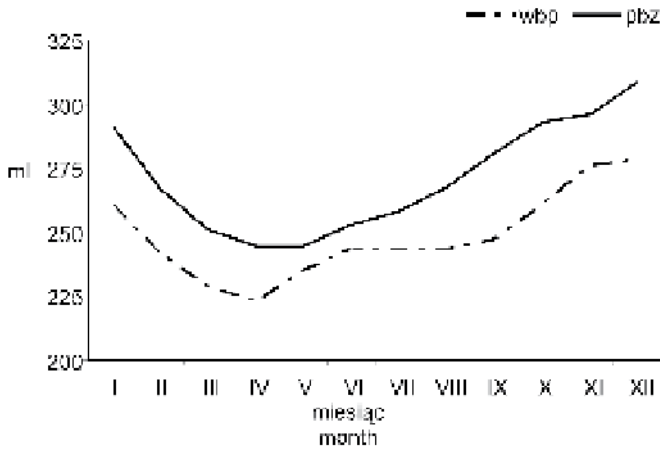
ab_{ij} – efekt współdziałania czynników kontrolowanych,

e_{ijk} – błąd.

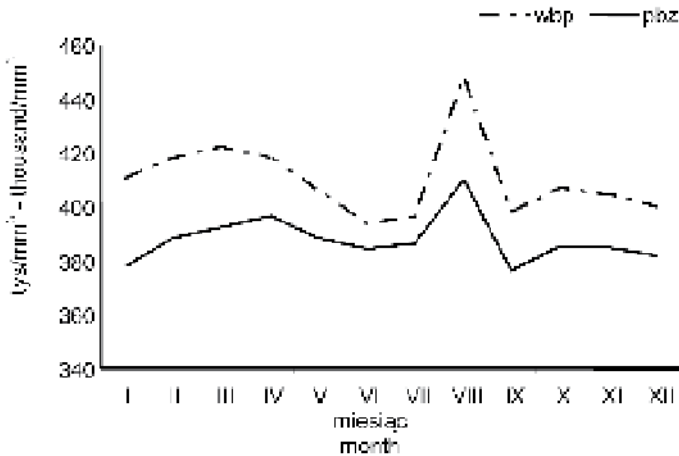
O istotności różnic między grupami wnioskowano na podstawie testu Tukey'a.

Wyniki

W tabeli 3 przedstawiono dane charakteryzujące cechy ejakulatów pobieranych od knurów rasy wbp i pbz w poszczególnych miesiącach roku. Wykazano zależność cech fizycznych ejakulatu od miesiąca pozyskania ejakulatu. Najniższą objętość wykazywały ejakulaty pobierane w kwietniu (241,00 ml). W kolejnych miesiącach roku objętość ejakulatu stopniowo wzrastała osiągając najwyższą wartość w grudniu (303,53 ml), po czym ponownie zaczęła się obniżać. Ejakulaty knurów rasy pbz miały większą objętość niż ejakulaty knurów rasy wbp we wszystkich miesiącach roku (rys. 1).



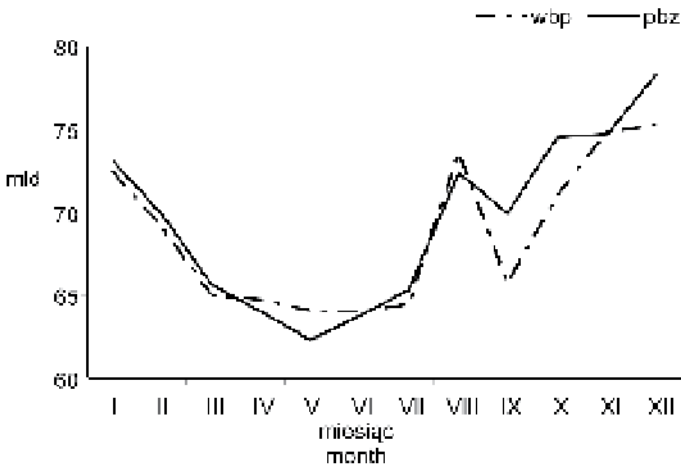
Rys. 1. Objętość ejakulatu w zależności od pory roku
 Fig. 1. Ejaculate volume with relation to the season of the year



Rys. 2. Koncentracja plemników w zależności od pory roku
 Fig. 2. Sperm concentration with relation to the season of the year

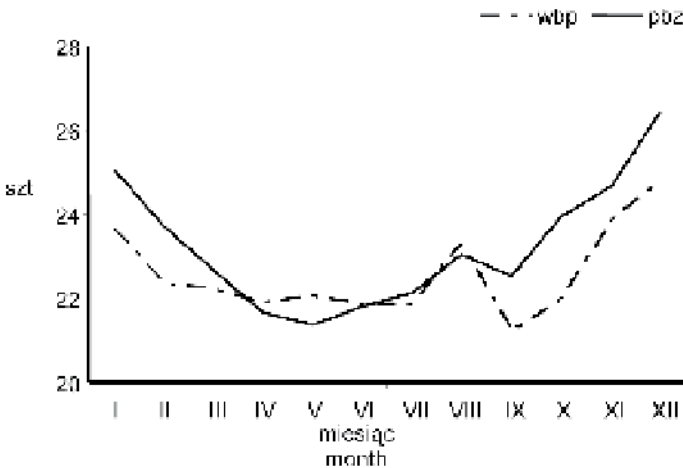
Na rysunku 2 przedstawiono dane ilustrujące zmiany koncentracji plemników w ejakulatach knurów rasy wbp i pbz w zależności od miesiąca pobrania ejakulatu. Dane te wskazują, że koncentracja plemników w ejakulatach u obu badanych ras od stycznia do kwietnia wzrastała, po czym nastąpił niewielki spadek, a wartość maksymalną osiągnęła w sierpniu. Od września poziom koncentracji plemników w ejakulatach utrzymywał się na podobnym poziomie. Od knurów rasy wbp uzyskiwano ejakulatory o wyższej koncentracji plemników niż od knurów rasy pbz.

Zmiany ogólnej liczby plemników w ejakulacie knurów rasy wbp i pbz w poszczególnych miesiącach przedstawiono na rysunku 3. Najwyższą wartość badanej cechy w ejakulatach powyższych ras zaobserwować można było w grudniu, zaś w okresie od marca do lipca ejakulaty odznaczały się najmniejszą liczbą plemników.



Rys. 3. Ogólna liczba plemników w ejakulacie w zależności od pory roku
Fig. 3. Total number of spermatozoa with relation to the season of the year

Z danych zilustrowanych na rysunku 4 wynika, że z ejakulatów pobranych od knurów rasy wbp i rasy pbz najwięcej dawek inseminacyjnych (około 26 szt.) można było sporządzić w grudniu. Miesięczne zmiany liczby dawek inseminacyjnych z ejakulatów obu ocenianych ras były podobne.



Rys. 4. Liczba dawek inseminacyjnych w zależności od pory roku
Fig. 4. Number of insemination doses with relation to the season of the year

Omówienie wyników

Uzyskane wyniki pozwalają stwierdzić, że nasienie knurów ulega zmianom jakościowym i ilościowym w zależności od pory roku. Wpływ pory roku na cechy nasienia należy rozpatrywać głównie w odniesieniu do takich czynników, jak długość dnia świetlnego i temperatura otoczenia. Występuje bowiem związek pomiędzy fotoperiodem, temperaturą, a wskaźnikami płodności u świń (Sancho i in., 2004). W okresie skróconego dnia, a więc w porze jesienno-zimowej od knurów e uzyskuje się jakulatory o najlepszej jakości (Gundogan, 2007). W tym okresie knury produkują nasienie o największej objętości i dużej koncentracji plemników (Pokrywka i Ruda, 2001). Wysokińska i in. (2008) prowadząc badania na knurach różnych ras zaobserwowali, że ejakulatory pozyskiwane od knurów w kwietniu wykazywały najniższą objętość, następnie w kolejnych miesiącach obserwowano stopniowy wzrost objętości ejakulatu aż do miesięcy zimowych (grudzień-styczeń). Podobny przebieg zmian objętości ejakulatu w ciągu roku zaobserwowali Kondracki i in. (1997). Autorzy ci wykazali, że objętość ejakulatu rosła od września osiągając wartość maksymalną w styczniu. W badaniach własnych najkorzystniejsze ejakulatory pod względem objętości tj., o największej objętości, największej liczbie plemników i największej liczbie dawek inseminacyjnych otrzymywano w grudniu. W okresie wiosenno-letnim wydajność ejakulacji znacząco się obniżała. Wysokie temperatury podczas lata wpływają niekorzystnie na płodność knurów. Obserwuje się wówczas we krwi bardzo niski poziom hormonów płciowych – androgenów. W stacjach inseminacyjnych towarzyszy temu wzrost liczby ejakulatów nie zakwalifikowanych do rozrzadzania, gdyż cechuje je spadek ruchliwości i wzrost liczby morfologicznie zmienionych plemników. Zdaniem Sławety i Morstina (1982) pora roku wpływa w sposób istotny na procent plemników o prawidłowej budowie oraz wykazujących zmiany morfologiczne. W okresie zimy i wiosny (od grudnia do kwietnia) w nasieniu można zaobserwować więcej plemników o prawidłowej budowie morfologicznej niż w okresie lata (Wysokińska i Kondracki, 2004). Publikowane w ostatnich latach prace związane z oddziaływaniem pory roku na sprawność rozplodową knurów wskazują, że w okresie upałów knury wykazują słabsze libido i obniżoną produkcję nasienia. Niższa jest objętość pozyskanych ejakulatów oraz liczba plemników wykazujących ruch postępowy (Kozdrowski i Dubiel, 2004; Liao i in., 1996). Ponadto, z ejakulatów pobieranych podczas lata (głównie w lipcu) przygotowuje się najmniejszą liczbę dawek inseminacyjnych (Wysokińska i in., 2009). W niniejszych badaniach wykazano również, że ejakulatory pobierane w okresie wiosenno-letnim charakteryzują się mniejszą objętością i liczbą plemników ruchliwych, co prowadzi do zmniejszenia liczby sporządzanych dawek inseminacyjnych. Negatywny wpływ okresu letniego na jakość nasienia może zależeć również od warunków środowiskowych jakie panują w chlewni. Podstawową tego przyczyną jest temperatura otoczenia. Podwyższenie temperatury otoczenia do 34°C znacznie zmniejsza wydajność rozplodową knurów użytkowanych w stacji unasienniania loch (Stahr i in., 1987).

Pomimo zgodności autorów wyżej cytowanego piśmiennictwa, że długość dnia świetlnego i temperatura otoczenia wpływają na cechy nasienia knurów, istnieje jeszcze szereg innych czynników mających istotny wpływ na zmiany ilościowe i jakościowe

we nasienia. Z badań przeprowadzonych przez Borga i in. (1993) wynika, że zmiany sezonowe odnoszące się do cech nasienia mogą różnić się pomiędzy poszczególnymi rasami knurów, a także między poszczególnymi knurami. Inne czynniki wpływające na jakość nasienia to m.in. wiek knura (Kondracki i in., 2005), częstotliwość pobierania (Chamberlain i Hughes, 1996), warunki pielęgnacji i utrzymania (Kondracki i in., 2003) oraz cechy indywidualne rozplodnika. Pomimo pewnych rozbieżności można dostrzec, że knury z reguły produkują najlepsze nasienie w okresie zbliżonym do występowania cyklu płciowego u dzików, co według Kondrackiego i in. (1997) należy tłumaczyć atawistyczną skłonnością współczesnych świń domowych do przejawiania większej aktywności płciowej w wyżej wymienionym okresie.

Podsumowując należy stwierdzić, że od knurów eksploatowanych w miesiącach jesienno-zimowych pozyskiwano ejakulatory o lepszych właściwościach pod względem cech fizycznych tj. objętości ejakulatu, ogólnej liczby plemników w ejakulacie, liczby dawek inseminacyjnych niż knury użytkowane rozplodowo w miesiącach wiosenno-letnich. Ejakulatory pobierane w grudniu wyróżniały się natomiast najniższą koncentracją plemników. Wykazano ponadto, że pora roku miała podobny wpływ na jakość nasienia zarówno knurów rasy wbp jak i rasy pbz.

Piśmiennictwo

- Borg K.E., Lunstra D.D., Christenson R.K. (1993). Semen characteristics, testicular size and reproductive hormone concentrations in mature Duroc, Meishan, Fengjing and Minzhu boars. *Biol. Reprod.*, 49: 515–521.
- Chamberlain T.S., Hughes P.E. (1996). The influence of mating frequency and nutrition on the stimulus value of boars. *Anim. Reprod. Sci.*, 43: 151–160.
- Gundogan M. (2007). Seasonal variation in serum testosterone, T3 and andrological parameters of two Turkish sheep breeds. *Small Rumin. Res.*, 67: 312–316.
- Kawęcka M. (2002). Zależność między tempem wzrostu i mięsnością młodych knurów populacji ojcowskich a ich przydatnością do rozrodu. *Rozprawy, AR Szczecin*, 206.
- King G.J., Macpherson J.W. (1973). A comparison of two methods for boar semen collection. *J. Anim. Sci.*, 36: 563–565.
- Knecht D., Jasek S., Procaj A., Krzyżewski P. (2004). Skuteczność unasienniania loch knurami czystej rasy i mieszańcami. *Med. Wet.*, 60: 1208–1211.
- Kondracki S., Antolik A., Zwierz B. (1997). Cechy nasienia knurów w zależności od pory roku. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 24: 67–76.
- Kondracki S., Banaszewska D., Iwanina M., Karczmarz A. (2003). Analiza długości użytkowania knurów inseminacyjnych. *Zeszt. Nauk. Prz. Hod.*, 68 (2): 113–121.
- Kondracki S., Wysokińska A., Banaszewska D., Woźniak E. (2004). The effect of breed variability on boars semen characteristic. *Zesz. Nauk. Zoot.*, AR Wrocław, L 488: 179–185.
- Kondracki S., Banaszewska D., Mielnicka C. (2005). The effect of age on the morphometric sperm traits of domestic pigs. *Cell. Mol. Biol. Lett.*, 10: 3–13.
- Kozdrowski R., Dubiel A. (2004). The effect of season on the properties of wild boar. *Anim. Reprod. Sci.*, 80: 281–289.
- Liao C.W., Shen T.F., Chyr S.C. (1996). Monthly changes in the semen characteristics of Duroc boars. *J. Taiwan Livest. Res.*, 29: 137–144.
- Pokrywka K., Ruda M. (2001). Wartość wybranych cech ejakulatów knurów w zależności od dostępu między pobieraniem nasienia i pory roku. *Zeszt. Nauk.*, AR Wroc., 405: 211–218.
- Sancho S., Pinart E., Briz M., Garcia-Gil N., Badia E., Bassols J., Kadar E., Pruneda A., Bussalleu E., Yeste M., Coll M.G., Bonet S. (2004). Semen quality of postpubertal boars during increasing and decreasing natural photoperiods. *Theriogenology*, 62: 1271–1282.

- Sławeta R., Morstin J. (1982). Zmiany morfologiczne w nasieniu knurów rasy pbz i wbp obserwowane w różnych porach roku. *Med. Wet.*, 38: 410–413.
- Stahr B., Mudra K., Schmoltdt H. (1987). Die Beeinflussung der Leistungen von Besamungsebern durch hohe Umgebungstemperaturen. *Arch. Tierz.*, 30, 6: 565–576.
- Wysokińska A., Kondracki S. (2004). Częstość występowania zmian morfologicznych plemników w nasieniu knurów mieszańców Duroc x Pietrain i Hampshire x Pietrain oraz czysto rasowych knurów ras Duroc, Hampshire i Pietrain w zależności od pory roku. *Zesz. Nauk. Prz. Hod.*, 72 (2): 103–111.
- Wysokińska A., Kondracki S., Banaszewska D. (2005). Wpływ pory roku na cechy fizyczne ejakulatu knurów mieszańców duroc x pietrain i hampshire x pietrain oraz czysto rasowych knurów duroc, hampshire i pietrain. *Rocz. Nauk. PTZ*, 1 (3): 535–544.
- Wysokińska A., Kondracki S., Banaszewska D., Zajda J. (2008). Cechy ejakulatu knurów inseminacyjnych w zależności od rasy i pory roku. *Rocz. Nauk. PTZ*, 4 (3): 233–242.
- Wysokińska A., Kondracki S., Kowalewski D., Adamiak A., Muczyńska E. (2009). Effect of seasonal factors on the ejaculate properties of crossbred Duroc x Pietrain and Pietrain x Duroc boars. *Bull. Vet. Inst. Pulawy*, 53: 677–685.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

AGNIESZKA ADAMIAK, STANISŁAW KONDRACKI, ANNA WYSOKIŃSKA

Influence of season of the year on physical properties of ejaculates from Polish Large White and Polish Landrace boars

SUMMARY

The experimental material consisted of 21,327 ejaculates obtained from 20 Polish Large White boars and 107 Polish Landrace boars during 1996–2007. The study involved all ejaculates that were collected and approved for insemination at the Sow Insemination Station in Ciechanów, a branch of the Mazovian Centre for Animal Breeding and Reproduction in Łowicz. The semen was collected manually. The following semen parameters were analysed in a laboratory: ejaculate volume without the gelatinous fraction, sperm concentration, percentage of spermatozoa with progressive motility, total number of spermatozoa per ejaculate, average number of spermatozoa per insemination dose, and number of insemination doses per ejaculate. The collected data were analysed according to season of the year, detailing the ejaculates collected in different months. The results were analysed statistically using analysis of variance. Significant differences between the groups were determined by means of Tukey's test. It was revealed that best ejaculates were collected in the autumn and winter months when the boars produced ejaculates with the highest volume and greatest number of spermatozoa, from which the largest number of insemination doses were prepared. In the spring and summer period, ejaculation efficiency decreased considerably, with lower ejaculate volume and smaller number of progressively motile spermatozoa compared to the autumn-winter season. Seasonal factors had a similar impact on semen quality for both PLW and PL boars.

Key words: boar, ejaculate, season

WYKORZYSTANIE MAKUCHU RZEPAKOWEGO I GLICEROLU W TUCZU ŚWIŃ*

Karol Węglarzy¹, Ewa Hanczakowska², Mariusz Pietras²,
Piotr Hanczakowski²

¹Zakład Doświadczalny Instytutu Zootechniki Państwowego Instytutu Badawczego,
Grodziec Śląski, 43-386 Świętoszówka

²Instytut Zootechniki Państwowego Instytutu Badawczego, Dział Żywienia Zwierząt i Paszoznawstwa,
32-083 Balice k. Krakowa

Badano wpływ użycia produktów ubocznych produkcji biodiesla – makuchu rzepakowego i glicerolu na 30 tucznikach. Zwierzęta przydzielono do 3 grup po 10 tuczników w każdej. Grupa I (kontrolna) otrzymywała dawkę standardową, w której makuch rzepakowy był jednym z głównych źródeł białka, grupy II i III otrzymywały tę samą dawkę zawierającą odpowiednio 10% surowego lub oczyszczonego glicerolu. Tuczniaki były utrzymywane indywidualnie, pasza była dawkowana odpowiednio do masy ciała, a woda była dostępna ad libitum. Zwierzęta zostały ubite przy masie ciała około 110 kg. Oceniano jakość tusz oraz kwasowość, barwę i wodochłonność mięsa. Przeprowadzono również ocenę sensoryczną mięsa. Strawność składników odżywczych paszy oznaczono metodą klasyczną na innych 30 tucznikach. Glicerol obniżał przyrosty zwierząt, zwłaszcza w pierwszym okresie tuczu. Różnica ta była istotna również przy końcu tuczu. Nie było istotnych różnic w przyrostach zwierząt otrzymujących oczyszczony glicerol i obu pozostałych grup. Oba rodzaje glicerolu poprawiły nieco strawność tłuszczu, a glicerol oczyszczony również strawność włókna. Glicerol surowy zmniejszył mięsność tusz i powierzchnię „oka” polędwicy. Mięso zwierząt otrzymujących glicerole było nieco jaśniejsze i miało wyższą wodochłonność. Nie było różnic w ocenie sensorycznej mięsa.

Obecny wzrost produkcji paliw z nasion roślin oleistych (tzw. biodiesel) będących odnawialnym źródłem energii daje w efekcie wzrost ilości pozostałych po wyciśnięciu oleju wytlóków, czyli makuchu oraz pozostałego po estryfikacji kwasów tłuszczowych glicerolu. Głównym surowcem stosowanym w Polsce do takiej produkcji jest popularny w naszym kraju rzepak. Ze względu na stosunkowo wysoką zawartość aminokwasów siarkowych, deficytowych w większości pasz roślinnych, produkty przerobu rzepaku, śruta i makuchy mogą stanowić wartościowe źródło białka paszowego dla zwierząt gospodarskich.

* Praca wykonana w ramach działalności statutowej, temat nr 2303.1.

Po estryfikacji 100 kg oleju rzepakowego pozostaje około 10 kg glicerolu (Schumacher i in., 2007). Ten trójwodorotlenowy alkohol, normalny składnik wszystkich tłuszczów jest nieszkodliwy i używany jest jako emulgator i niskoenergetyczny słodzik (dodatek do żywności E422) w produktach spożywczych dla ludzi. Może też być stosowany jako dodatek paszowy w celu poprawienia spożycia paszy, zwłaszcza przez zwierzęta młode (Simon i in., 1996). Wyniki jego stosowania w żywieniu świń są niejednoznaczne. Lammers i in. (2008 a) nie stwierdzili ujemnego wpływu dodatku 10% glicerolu do paszy na przyrosty, ocenę tuszy i jakość mięsa ale według Casy i in. (2009) taki sam dodatek spowodował obniżenie przyrostów i pogorszenie wykorzystania paszy. W obu tych doświadczeniach użyto różnych rodzajów glicerolu: w pierwszym oczyszczonego, w drugim surowego.

Celem przedstawianego doświadczenia było sprawdzenie wpływu dodatku glicerolu surowego lub oczyszczonego do dawki zawierającej makuch rzepakowy na wskaźniki produkcyjne, ocenę tuszy i jakość mięsa tuczników.

Material i metody

Doświadczenie wzrostowe przeprowadzono na 30 świniami o wadze początkowej 30 kg pochodzących od loch pbz pokrytych knurem Durox × Pietrain. Świnie przydzielono do trzech grup po 10 zwierząt w każdej. Grupa I (kontrolna) otrzymywała mieszankę standardową. Do mieszanki dla grup II i III wprowadzono glicerol w ilości 10%, odpowiednio surowy i oczyszczony. Skład dawek podano w tabeli 1. Zwierzęta utrzymywano i karmiono indywidualnie, a ważono co dwa tygodnie. Paszę podawano w ilościach ograniczonych, stosownie do wagi ciała. Zwierzęta miały stały dostęp do wody. Glicerol surowy wyprodukowany był w agrorafinerii w Zootechnicznym Zakładzie Doświadczalnym IŻ PIB w Grodźcu Sl., glicerol oczyszczony pochodził z Zakładów Tłuszczowych Bielmar w Bielsku Białej.

Świnie ubito przy masie ciała około 110 kg, tusze poddano ocenie oraz pobrano próbki mięśnia najdłuższego pomiędzy ostatnim piersiowym a pierwszym lędźwiowym kręgiem. Odczyn mięsa badano pH-metrem wyposażonym w elektrodę Metron OSH 12-00 w 45 minut i 24 godziny po uboju. Barwę mięsa oznaczano kolorymetrem Minolta, a wodochłonność według Grau i Hamm (1953). Ocenę sensoryczną wykonano w 5-punktowej skali.

Doświadczenie strawnościowe wykonano na 30 tucznikach ważących około 50 kg utrzymywanych w indywidualnych klatkach bilansowych i karmionych takimi samymi dawkami, jak w doświadczeniu wzrostowym. Okres wstępny trwał 10, a bilansowy (kolekcja kału) 5 dni. Kał pobierano codziennie od każdej sztuki, ważono i zamrażano w -20°C . Na końcu doświadczenia kały mieszano i sporządzano średnią próbkę dla każdego wieprzka.

Skład podstawowy pasz i kałów oznaczano metodami standardowymi (AOAC, 1995).

Analizę statystyczną otrzymanych danych przeprowadzono analizą wariancji, średnie porównano wielokrotnym testem rozstępu Duncana przy poziomach istotności $P < 0.05$ i $P < 0.01$ stosując pakiet Statistica v 5.1.

Tabela 1. Skład mieszanek paszowych
Table 1. Composition of feed mixtures

Wyszczególnienie Item	Bez glicerolu Without glycerol		Glicerol* Glycerol*	
	Grower	Finiszer Finisher	Grower	Finiszer Finisher
Jęczmień	47,30	52,82	32,50	38,85
Barley				
Pszenica	20,00	20,00	20,00	20,00
Wheat				
Śruta sojowa	15,00	10,00	20,00	12,00
Soybean meal				
Makuch rzepakowy	10,00	10,00	10,00	10,00
Rapeseed cake				
Glicerol			10,00	10,00
Glycerol				
Otręby pszenne	5,00	5,00	5,00	7,00
Wheat bran				
Sól	0,25	0,20	0,25	0,20
Salt (NaCl)				
Kreda pastewna	1,00	1,00	0,90	1,00
Ground limestone				
Fosforan paszowy	0,80	0,40	0,80	0,40
Dicalcium phosphate				
Premix PT-1 / PT-2	0,50	0,50	0,50	0,50
L-Lizyna	0,15	0,08	0,05	0,05
L-lysine				
Energia metab. MJ **	12,2	12,3	12,2	12,2
Metabolizable energy (MJ)**				
Białko ogólne (g)	171	158	170	149
Crude protein (g)				
Białko strawne (g)	139	127	141	121
Digestible protein (g)				
Lizyna (g)	9,95	8,27	9,64	8,07
Lys (g)				
Metionina + cystyna (g)	6,13	5,79	6,12	5,57
Met + Cys (g)				
Treonina (g)	6,48	5,93	6,72	5,84
Threonine (g)				
Tryptofan (g)	2,69	2,50	2,78	2,50
Tryptophan (g)				

¹ PT-1 skład premiksu: Witaminy: A – 1600000 IU; D₃ – 200000 IU; E – 6,0 g; K₃ – 0,3 g; B₁ – 0,2 g; B₂ – 0,6 g; B₆ – 0,3 g; B₁₂ – 0,002 g; Kwas pantotenowy – 2,0 g; Chlorek choliny – 40 g; Kwas foliowy – 0,04 g; Kwas nikotynowy – 3,0 g; Magnez – 8,0 g; Mangan – 10,0 g; Jod – 0,06 g; Cynk – 14,0 g; Żelazo – 20,0g; Miedź – 4,0 g; Kobalt – 0,04 g; Selen – 0,04 g; kreda do 1000,0 g.

¹ PT-1 premix ingredients: Vitamins: A – 1600000 IU; D₃ – 200000 IU; E – 6.0 g; K₃ – 0.3g; B₁ – 0.2 g; B₂ – 0.6 g; B₆ – 0.3 g; B₁₂ – 0.002 g; Pantothenic acid – 2.0 g; Choline chloride – 40 g; Folic acid – 0.04 g; Nicotinic acid – 3.0 g; Magnesium – 8.0 g; Manganese – 10.0 g; Iodine – 0.06 g; Zinc – 14.0 g; Iron – 20.0 g; Copper – 4.0 g; Cobalt – 0.04 g; Selenium – 0.04 g; limestone – up to 1000.0 g.

² PT-2 skład premiksu: Witaminy A – 1600000 IU; D₃ – 200000 IU; E – 4,0 g; K₃ – 0,3 g; B₂ – 0,6 g; B₆ – 0,6 g; B₁₂ – 0,002 g; Kwas pantotenowy – 1,6 g; Chlorek choliny – 40g; Kwas nikotynowy – 2,0 g; Magnez – 8,0 g; Mangan – 10,0 g; Jod – 0,06 g; Cynk – 14,0 g; Żelazo – 0,0g; Miedź – 4,0 g; kobalt – 0,04 g; selen – 0,04 g; kreda do 1000,0 g.

² PT-2 premix ingredients: Vitamins: A – 1600000 IU; D₃ – 200000 IU; E – 4.0 g; K₃ – 0.3g; B₂ – 0.6 g; B₆ – 0.6 g; B₁₂ – 0.002 g; Pantothenic acid – 1.6 g; Choline chloride – 40 g; Nicotinic acid – 2.0 g; Magnesium – 8.0 g; Manganese – 10.0 g; Iodine – 0.06 g; Zinc – 14.0 g; Iron – 10.0 g; Copper – 4.0 g; Cobalt – 0.04 g; Selenium – 0.04 g; limestone – up to 1000.0 g.

*surowy glicerol (pasza II), rafinowany glicerol (pasza III) – Crude glycerol (diet II), refined glycerol (diet III)

Wyniki

Surowy glicerol obniżył przyrosty zwierząt (tab. 2) zwłaszcza w pierwszym okresie doświadczenia tj. w przedziale od 30 do 60 kg masy ciała ($P<0.01$). Pomimo lepszych wyników w drugim okresie, pomiędzy 60 kg masy ciała a końcem doświadczenia (obniżenie przyrostów nie było istotne statystycznie), różnica przy końcu doświadczenia była wciąż istotna ($P<0.5$). Przeciętne przyrosty masy ciała świn otrzymujących glicerol oczyszczony w czasie całego doświadczenia nie różniły się istotnie od obu pozostałych grup. (przy końcu doświadczenia przyrosty w grupach I, II i III wynosiły odpowiednio: 802; 729 i 767 g). W wykorzystaniu paszy nie było istotnych różnic pomiędzy grupą kontrolną a grupami doświadczalnymi.

Tabela 2. Wyniki tuczu
Table 2. Fattening results

Wyszczególnienie Item	Glicerol Glycerol			Płeć Sex		Inter- akcja Interaction	SEM
	0	surowy crude	rafinowany refined	loszki gilts	wieprzki barrows		
Początkowa MC (kg) Initial BW (kg)	29,4	28,3	30,1	28,4	28,1	NS	0,564
Końcowa MC (kg) Final BW (kg)	114,2	113,0	112,1	114,4	113,1	NS	0,457
Okres tuczu (dni) Fattening period (days)	105 A	119 B	111 AB	113	110	NS	1,915
Średnie przyrosty dzienne w okresie (g): Average daily weight gain in fattening periods (g) :							
od 30 do 60 from 30 to 60	742 Bb	641 Aa	687 ABa	685	695	NS	11,685
od 60 do 113 from 60 to 113	841	798	826	810	832	NS	12,07
od 30 do 113 from 30 to 113	802 b	729 a	767 ab	759	773	NS	10,61
Zużycie paszy na przyrost 1 kg masy ciała (kg) : Feed conversion per kg body weight gain (kg):							
od 30 do 60 from 30 to 60	2,68	2,83	2,69	2,75	2,72	NS	0,039
od 60 do 113 from 60 to 113	3,67	3,85	3,70	3,78	3,69	NS	0,057
od 30 do 113 from 30 to 113	3,30	3,47	3,31	3,40	3,32	NS	0,047

Wartości w tych samych rzędach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie: a, b – $P\leq 0,05$.
Values in the same rows with different letters differ significantly a, b – $P\leq 0,05$.

Oba glicerole poprawiły strawność tłuszczu surowego ($P<0,01$), a w istotnym stopniu również glicerol oczyszczony poprawił strawność włókna surowego (tab. 3).

Cechy tusz tuczników otrzymujących surowy glicerol (tabela 4) były nieco gorsze niż dwóch pozostałych grup. Miały one niższą mięsność (różnica istotna w stosunku do kontroli), a także mniejszą powierzchnię oka połędwicy ($p<0.01$). W grubości słoniny nie było różnic pomiędzy grupami.

Mięso tuczników otrzymujących glicerole było jaśniejsze (tab. 5) i miało istotnie wyższy wskaźnik wodochłonności (grupy I, II i III odpowiednio 16,8; 21,6 i 21,3, $P < 0,01$). Ani glicerol surowy ani oczyszczony nie miał wpływu na cechy sensoryczne mięsa.

Tabela 3. Współczynniki strawności pozornej mieszanek paszowych
Table 3. Coefficients of apparent digestibility of nutrients

Wyszczególnienie Item	Kontrola Control	Glicerol surowy Crude glycerol	Glicerol rafinowany Refined glycerol	SEM
Sucha masa (%) Dry matter (%)	81,3 ABab	81,1 Aa	82,9Bb	0,318
Białko (%) Protein (%)	81,9	80,9	81,8	0,331
Tłuszcz (%) Fat (%)	30,1 Aa	51,6Bb	69,7Bc	4,530
Włókno (%) Fibre (%)	28,0 a	29,0 a	36,3b	2,134
Bezazotowe wyciągowe (%) N-free extractives (%)	90,3	90,0	90,1	0,101

Wartości w tych samych rzędach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie: a, b – $P \leq 0,05$, A, B – $P \leq 0,1$.
Values in the same rows with different letters differ significantly: a, b – $P \leq 0,05$, A, B – $P \leq 0,01$.

Tabela 4. Wyniki oceny poubojowej tusz
Table 4. Results of carcass evaluation

Wyszczególnienie Item	Glicerol Glycerol			Sex Płeć		Inter- akcja Interaction	SEM
	0	surowy crude	rafinowany refined	loszki gilts	wieprzki barrows		
Masa ciała przy uboju (kg) Body weight at slaughter (kg)	114,2	114,2	112,8	114,4	113,1	NS	0,457
Wydajność rzeźna (%) Dressing percentage (%)	77,9	77,8	79,3	78,2	78,5	NS	0,283
Mięso wyrębów podstawowych (kg) Meat in primal cuts (kg)	24,20 Bb	22,20 Aa	23,72 ABb	22,97	23,78	NS	0,282
Powierzchnia oka połędwicy (cm ²) Loin eye area (cm ²)	58,04 B	52,3 A	56,0 AB	54,40	55,53	NS	0,796
Mięsność tuszy (%) Carcass meatiness (%)	55,65 b	52,90 a	54,75 ab	54,40	54,46	*	0,566
Średnia grubość słoniny z 5 pom. (cm) Backfat thickness, av. of 5 meas. (cm)	2,15	2,06	2,08	2,10	2,10	*	0,060
Grubość słoniny w punkcie C (cm) Backfat thickness at the C site (cm)	0,97	0,98	0,96	0,98	0,97	NS	0,045

Wartości w tych samych rzędach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie: a, b – $P \leq 0,05$, A, B – $P \leq 0,1$.
Values in the same rows with different letters differ significantly: a, b – $P \leq 0,05$, A, B – $P \leq 0,01$.

Tabela 5. Jakość, barwa L*a*b i ocena sensoryczna mięsa gotowanego (*M. Longissimus*)
 Table 5. Meat quality, L*a*b* colour and sensory evaluation of cooked meat (*M. Longissimus*)

Wyszczególnienie Item	Glycerol - Glycerol			Płeć - Sex		Interakcja Interaction	SEM
	0	surowy crude	rafinowany refined	łoszki gilts	wiepszy barrows		
		6,25	6,31	6,28	6,29		
pH 45 min po uboju	6,25	6,31	6,28	6,29	6,27	NS	0,033
pH 45 min after slaughter							
pH po 24 godz. chłodzeniu	5,67	5,56	5,57	5,63	5,58	NS	0,036
pH after 24 h cooling							
Barwa mięsa L*a*b:							
Meat colour L*a*b :							
Jasność	48,46 a	52,06 b	51,09 ab	50,55	50,51	NS	0,625
Lightness							
Wysycenie w kierunku czerwieni	16,57	16,04	16,25	16,36	16,21	NS	0,157
Redness							
Wysycenie w kierunku żółci	2,08	2,86	2,48	2,49	2,45	NS	0,156
Yellowness							
Wskaźnik wodochłonności mięsa (%)	16,80 A	21,60B	21,27 B	20,34	19,43	NS	0,564
Water holding capacity index (%)							
Ocena sensoryczna:							
Sensory evaluation:							
Zapach	4,52	4,56	4,73	4,56	4,65	*	0,044
Aroma							
Smak	4,60	4,52	4,42	4,43	4,60	NS	0,049
Taste							
Kruchość	4,60	4,40	4,52	4,50	4,51	NS	0,054
Tenderness							
Soczystość	4,50	4,35	4,31	4,33	4,44	NS	0,046
Juiciness							

Wartości w tych samych rzędach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie: a, b – P≤0,05, A, B – P≤0,01.
 Values in the same rows with different letters differ significantly: a, b – P≤0,05, A, B – P≤0,01.

Dyskusja

W doświadczeniach na świniach zwykle używany jest glicerol surowy, ze względu na wysokie koszty oczyszczania (Schumacher, 2007). Kijora i in. (1995) oraz Lammers i in. (2008 a) nie stwierdzili szkodliwego wpływu surowego glicerolu podawanego świniom w ilości 10% dawki. Wyniki te nie są zgodne z rezultatami otrzymanymi w przedstawianym doświadczeniu. Z drugiej jednak strony, w doświadczeniu Casy i in. (2009), którzy użyli oczyszczonego glicerolu nie było różnic pomiędzy grupą kontrolną a zwierzętami otrzymującymi 5% glicerolu, jednak kiedy jego ilość w dawce wzrosła do 10%, przyrosty i wykorzystanie paszy pogorszyły się. Te sprzeczne wyniki mogą być rezultatem różnic w składzie stosowanego glicerolu, który nie jest produktem standaryzowanym. W praktycznym żywieniu według Kerra i in. (2007) dawki glicerolu powinno się stopniować: zaczynając od 2% podnosić stopniowo jego poziom do 10%, co powinno zapewnić dobre przyrosty tuczników.

Wyższa strawność włókna mogła być wynikiem intensywniejszej fermentacji bakteryjnej w jelicie grubym. Według Yuasy i in. (2003) absorpcja glicerolu przez nabłonek jelita jest stosunkowo słaba. Istnieje więc możliwość, że glicerol przechodzi do okrężnicy i jelita ślepego, gdzie stymuluje rozwój flory bakteryjnej rozkładającej również włókno.

Według Hansena i in. (2009) i Lammersa i in. (2008 a) surowy glicerol nie ma wpływu ani na wskaźniki produkcyjne świń ani na jakość tuszy. U świń otrzymujących surowy glicerol nieco gorsza mięsność oraz mniejsza powierzchnia „oka” połównicy stwierdzone w tym doświadczeniu były najprawdopodobniej skutkiem obecności w preparacie niezidentyfikowanych substancji szkodliwych, tym bardziej, że tuczniki te rosły wolniej, a wolniejszy wzrost ma zazwyczaj pozytywny wpływ na ocenę poubojową (Tury i in., 2003).

Nie było istotnych różnic w barwie (poza jasnością) ani kwasowości mięsa, co jest zgodne z wynikami Lammersa i in. (2008 a). Jediną różnicą we właściwościach fizycznych była wysokoistotnie większa wodochłonność mięsa, w przypadku obu grup otrzymujących glicerol. Zmienioną wodochłonność mięsa świń otrzymujących 5% surowego glicerolu stwierdzili także Mourot i in. (1994). Jak wynika z danych ogłoszonych przez Kerra i in. (2007) we wstępnych badaniach stwierdzili oni lepszą wodochłonność mięsa pod wpływem dodatku glicerolu, nie znalazło jednak potwierdzenia w późniejszym doświadczeniu.

Informacje na temat cech sensorycznych mięsa świń otrzymujących glicerol są bardzo rzadkie. Lammers i in. (2008 b) nie stwierdzili zmian w ocenie sensorycznej połównicy pochodzącej od świń otrzymujących 10% glicerolu, co jest zgodne z wynikami uzyskanymi w tym doświadczeniu. W doświadczeniu Casy i in. (2009) różnice w charakterystyce sensorycznej mięsa świń otrzymujących czysty glicerol były tak nieregularne, nie pozwoliły na wyciągnięcie jednoznacznych wniosków.

Podsumowując wyniki przedstawionego doświadczenia można stwierdzić, że surowy glicerol ma ograniczoną wartość jako dodatek do zawierających makuch rzepakowy pasz dla tuczników. Oczyszczenie podnosi wartość pokarmową glicerolu.

Piśmiennictwo

- AOAC (1995). Association of Official Analytical Chemists. Official Methods of Analysis. 16th Edition, Arlington VA, USA.
- Casa D., Bochicchio D., Faeti V., Marchetto G., Poletti E., Rossi A., Garavaldi A., Panciroli A., Brogna N. (2009). Use of pure glycerol in fattening heavy pigs. *Meat Sci.*, 81: 238–244.
- Grau R., Hamm R. (1953). Eine einfache Methode zur Bestimmung der Wasserbindung im Muskel. *Naturwissenschaften*, 40, 1, 29 pp.
- Hansen C.F., Hernandez A., Mullan B.P., Moore K., Trezona-Murray M., King R.H., Pluske J.R. (2009). A chemical analysis of samples of crude glycerol from the production of biodiesel in Australia, and the effects of feeding crude glycerol to growing-finishing pigs on performance, plasma metabolites and meat quality at slaughter. *Anim. Prod. Sci.*, 49: 154–161.
- Kerr B.J., Honeyman M., Lammers P., Hoyer S. (2007). Feeding bioenergy coproducts to swine. Crude glycerol. Iowa State University Extension. IPIC 11b. <http://www.ipic.iastate.edu/publications/IPIC11b.pdf>
- Kijora C., Bergner H., Kupsch R.-D., Hagemann L. (1995). Glycerin als Futterkomponente in der Schweinemast. *Arch. Anim. Nutr.*, 4: 345–360.
- Lammers P.J., Kerr B.J., Weber T.E., Bregendahl K., Lonergan S.M., Prusa K.J., Ahn D.U., Stoffregen W.C., Dozier III W.A., Honeyman M.S. (2008 a). Growth performance, carcass characteristics, meat quality, and tissue histology of growing pigs fed crude glycerin-supplemented diets. *J. Anim. Sci.*, 86: 2962–2970.
- Lammers P., Kerr B., Weber T., Bregendahl K., Lonergan S., Prusa K., Ahn D., Stoffregen W., Dozier III Honeyman M. (2008 b). Objective and sensory measures of meat quality and fatty acid profile of *longissimus* intramuscular lipid from pigs fed crude glycerol. *J. Anim. Sci., E-Suppl.* 2/J, 292, p. 317.
- Mourot J.A., Aumaitre A., Mounier A., Peiniau P., Francois A.C. (1994). Nutritional and physiological effects of dietary glycerol in the growing pig: consequences on fatty tissues and post mortem muscular parameters. *Livest. Prod. Sci.*, 38: 237–244.
- Schumacher J. (2007). Small scale biodiesel production. An overview. Agricultural Marketing Policy Paper, Montana State University, MT, USA, 22: 1–6.
- Simon A., Bergner H., Schwabe M. (1996). Glycerol as a feed ingredient for broiler chickens. *Arch. Tierernähr.*, 49: 103–112.
- Tury Z., Osek M., Klocek B., Witak B. (2003). The effect of protein feeds on fattening results and post-slaughter evaluation in swine. *Pol. J. Food Nutr. Sci.*, 12/53: 63–67.
- Yuasa H., Hamamoto K., Dogu S.Y., Marutani T., Nakajima A., Kato T., Hayashi Y., Inoue K., Watanabe J. (2003). Saturable absorption of glycerol in the rat intestine. *Biol. Pharm. Bull.*, 26: 1933–1936.

Zatwierdzono do druku 2 XII 2010

KAROL WĘGLARZY, EWA HANCZAKOWSKA, MARIUSZ PIETRAS,
PIOTR HANCZAKOWSKI

Use of rapeseed cake and glycerol in pig fattening

SUMMARY

This study investigated the effect of using by-products from biodiesel production, i.e. rapeseed cake and glycerol, in 30 fattening pigs. Animals were allocated to 3 groups with 10 pigs per group. Group I (control) received the standard mixture in which rapeseed cake was one of the main protein sources, and

groups II and III were fed the same mixture with 10% of crude or refined glycerol, respectively. Animals were kept individually, amount of feed was adjusted according to body weight, and water was available ad libitum. Pigs were slaughtered at about 110 kg body weight. Carcass quality and meat acidity, colour and water holding capacity were examined. Sensory attributes of meat were also evaluated. Digestibility of nutrients was determined in the other 30 fatteners using the standard method.

It was found that glycerol lowered body weight gains, especially in the first period of fattening. This difference was still significant at the end of the experiment. There were no significant differences in body weight gains between pigs fed refined glycerol and the other two groups. Both glycerols slightly improved fat digestibility and refined glycerol also improved digestibility of fibre. Crude glycerol reduced carcass meatiness and loin eye area. The meat of animals fed glycerols was slightly lighter and had higher water holding capacity. There were no differences in sensory evaluation of meat.

OCENA MOŻLIWOŚCI POPRAWY ŚRODOWISKA HODOWLANEGO TUCZNIKÓW W WARUNKACH STOSOWANIA W PASZY DODATKU ZIOŁ

Jolanta Paschma, Andrzej Kaczor, Paweł Paraponiak

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Dział Technologii, Ekologii i Ekonomiki Produkcji
Zwierzęcej, 32-083 Balice k. Krakowa

Celem podjętych badań była ocena wpływu zastosowania dodatku mieszanki ziołowej do paszy tuczników na warunki środowiskowe panujące w chlewni i związane z nimi wyniki produkcyjne. Badania przeprowadzono łącznie na 180 świniach rosnących w trzech sezonach: lato, jesień i zima, po 60 zwierząt w każdym sezonie. Zwierzęta przydzielono do 3 grup, po 20 sztuk w każdej z nich, różniących się poziomem mieszanki ziołowej: 0; 2 i 3% dawki, odpowiednio w grupach I (kontrolnej), II i III (doświadczalnych). Mieszanka ziołowa zawierała: ziela rumianku, mięty, tymianku i cząbbru, owoce kolendry i kminku, kłącza perzu, bielmo ostropestu i główki czosnku. Każdą z grup utrzymywano w odrębnych pomieszczeniach. W trakcie badań prowadzono monitoring warunków środowiska w pomieszczeniach, uwzględniający temperaturę, wilgotność oraz emisję amoniaku i dwutlenku węgla. Ponadto wykonywano analizy poziomu N oraz P w pobranych próbkach paszy i kału. Monitorowano również wyniki produkcyjne tuczników w ocenianych sezonach. Stwierdzono, że zastosowanie w paszy tuczników dodatku mieszanki ziołowej może poprawić warunki środowiska w chlewni. W pomieszczeniach, w których podawano świniom ziola stwierdzono wyraźnie niższy, w porównaniu z grupą kontrolną, poziom emisji amoniaku we wszystkich trzech ocenianych sezonach, co pośrednio poprzez poprawę warunków bytowania zwierząt mogło mieć wpływ na efekty produkcyjne.

Obserwowane w ostatniej dekadzie duże zainteresowanie ze strony producentów i konsumentów wieprzowiny dodatkami ziołowymi stosowanymi nie tylko w fitoterapii spowodowane jest dobrymi efektami produkcyjnymi oraz wytycznymi Unii Europejskiej, ograniczającymi stosowanie w żywieniu świń antybiotyków paszowych i innych stymulatorów wzrostu (Varley, 2004; Stahl, 2005). Zawarte w ziołach naturalne substancje biologicznie czynne wspomagają szereg procesów zachodzących w organizmach zwierzęcych, ułatwiają pobieranie składników pokarmowych działając korzystnie na ich metabolizm (Grela, 2001; Hanczakowska i in., 2007). Efektem korzystnego działania zawartych w ziołach związków organicznych na strawność składników pokarmowych paszy jest także wzrost retencji energii i białka u świń. W związku z tym podawane w paszy ziola mogą też korzystnie oddziaływać na srodo-

wisko hodowlane ograniczając wydzielanie amoniaku w odchodach. Brak jest jednak wyników badań potwierdzających taką hipotezę.

Celem przeprowadzonych badań była ocena wpływu stosowania dodatku mieszanki zielonej do paszy tuczników na poprawę warunków środowiskowych panujących w chlewni

Material i metody

Badania przeprowadzona na 180 tucznikach, w 3 sezonach: lato, jesień i zima, po 60 świń w sezonie. Prosięta analogi w zakresie płci i masy ciała, ważące około 20 kg, przydzielono do 3 grup, po 20 sztuk w każdej, różniących się zawartością mieszanki zielonej w paszy: 0, 2 i 3% dawki pokarmowej, odpowiednio w grupach I, II i III. Mieszanka zielona w formie suszu dodawana do paszy dla tuczników zawierała: ziela rumianku, mięty, tymianku i cząbrku, owoce kolendry i kminku, kłącza perzu, bielmo ostropestu i główki czosnku. Świnie żywiono do woli paszą, której 1 kg zawierał 12,4 MJ EM i 171 g białka ogólnego. Skład stosowanej w badaniach paszy podano w tabeli 1. Każda grupa zwierząt przebywała w odrębnym pomieszczeniu, gdzie stosowano grupowy system utrzymania, po 5 sztuk w kojcu.

Tabela 1. Skład paszy (%)
Table 1. Feed composition (%)

Składniki – Ingredients	%
Śruta jęczmienna – Ground barley	45
Śruta żytnia – Ground rye	15
Śruta pszenna – Ground wheat	15
Poekstrakcyjna śruta sojowa – Soybean meal	15
Otręby pszenne – Wheat bran	2
Poekstrakcyjna śruta rzepakowa – Rapeseed meal	5
Chlorek sodu – Sodium chloride	0,5
Kreda pastewna – Ground limestone	0,5
Fosforan paszowy – Feed phosphate	1,0
Polfamiks PW	1,0
Premix PW	
W 1 kg – In 1 kg:	
– energia metaboliczna (MJ) – metabolizable energy (MJ)	12,4
– białko ogólne (g) – crude protein (g)	171
– Lys (g)	7,8
– Met + Cys. (g)	5,5

Tucz świń prowadzono w warunkach fermowych, od 20 do około 100 kg masy ciała. W trakcie każdego sezonu prowadzono monitoring warunków środowiskowych w pomieszczeniach ze zwierzętami. Pomiary stężenia domieszek gazowych prowadzono sondami elektrotechnicznymi, będącymi elementem pomiarowym elektronicznego miernika gazów Multivarm II firmy Dräger. Pomiary mikroklimatu wykonywano okresowo przy użyciu autonomicznej aparatury elektronicznej marki

Testerm i Jotafan. W trakcie badań, w każdym powtórzeniu, pobierano próbki paszy i kału celu określenia poziomu azotu i fosforu. Pobrane, w poszczególnych sezonach próbki paszy poddawano 3-krotnej analizie chemicznej. Podobnie w odstępach miesięcznych pobierano próbki świeżego kału w formie mokrej, które poddano analizom chemicznym na zawartość fosforu oraz azotu ogólnego i niebiałkowego. W doświadczeniu monitorowano także stan zdrowia oraz wyniki produkcyjne zwierząt.

Wyniki badań opracowano statystycznie wykorzystując jednoczynnikową analizę wariancji, a występujące różnice między grupami określano za pomocą testu Duncana stosując program komputerowy Statgraphics Plus 3.3.

Wyniki

Uzyskane w przeprowadzonych badaniach rezultaty zamieszczono w trzech tabelach. Poziom emisji amoniaku w pomieszczeniach grup doświadczalnych, jak wskazują dane tabeli 2, był istotnie niższy ($P \leq 0,05$) niż w grupie kontrolnej. Zależność ta wystąpiła we wszystkich ocenianych sezonach, a szczególnie wyraźnie zaznaczyła się w sezonie letnim. W sezonie zimowym różnice między grupami w tym zakresie były mniej wyraźne. Wielkość emisji dwutlenku węgla w pomieszczeniach poszczególnych grup w obrębie sezonów była mało zróżnicowana (różnice nieistotne). Poziom wilgotności w chlewni w poszczególnych grupach w sezonach letnim i jesiennym był zbliżony. W sezonie zimowym zarysowały się większe różnice w zakresie wilgotności powietrza – niższy poziom wilgotności stwierdzono w chlewni grup doświadczalnych, gdzie tuczniki żywiono paszą z udziałem ziół, w porównaniu z grupą kontrolną, a różnice między grupą kontrolną a doświadczalnymi były statystycznie istotne ($P \leq 0,05$).

Tabela 3 zawiera dane dotyczące zawartości azotu i fosforu w próbkach paszy oraz azotu ogólnego i niebiałkowego, a także fosforu w kale. Procentowy udział azotu w próbkach paszy był mało zróżnicowany, a niewielkie różnice sięgały 0,052% N. Także poziom fosforu w próbkach paszy był we wszystkich grupach zbliżony. Poziom azotu ogólnego w kale w grupach doświadczalnych z udziałem ziół w paszy był nieco niższy w porównaniu z grupą kontrolną. Największą różnicę w tym zakresie stwierdzono w próbkach kału pobranych po upływie dwóch miesięcy tuczu. Średnia zawartość azotu niebiałkowego w kale grup doświadczalnych była również niższa w porównaniu z grupą kontrolną. Najwyższa różnica w tym zakresie wystąpiła w próbkach pobranych po upływie dwóch miesięcy tuczu, około 0,050 i 0,185% N niebiałkowego, odpowiednio dla grup II i III. W próbkach kału pobranych po upływie trzech miesięcy tuczu poziom azotu ogólnego, jak i niebiałkowego był między poszczególnymi grupami mniej zróżnicowany. Średnia ilość fosforu w kale tuczników w obu grupach doświadczalnych była zbliżona i wyraźnie wyższa niż w kale grupy kontrolnej (o około 1,5 g/kg). Podobna tendencja utrzymywała się w kolejnych trzech miesiącach badań, przy czym najwyższa różnica między grupą kontrolną a doświadczalnymi wystąpiła w próbkach kału pobranych po upływie trzech miesięcy badań.

Tabela 2. Wyniki monitoringu środowiska chlewni, w zależności od sezonu (średnie arytmetyczne)
Table 2. Monitoring results of the piggery environment depending on season (arithmetic means)

Wyszczególnienie Item	Grupy – Groups		
	I – kontrolna I – control	II – 2% ziół II – 2% herbs	III – 3% ziół III – 3% herbs
Okres letni: temp.zew. 25,5°C Summer period: ext. temp. 25.5°C			
Emisja gazów – Emission of gases:			
NH ₃ (ppm)	13,0±1,7 a	6,0±0,6 b	4,0±0,7 b
CO ₂ (%)	0,10±0,11 a	0,03±0,8 a	0,10±0,10 a
Mikroklimat – Microclimate:			
temperatura (°C) – temperature (°C)	19,8±2,2 a	19,7±2,2 a	19,6±2,0 a
wilgotność (%) – humidity (%)	63,5±3,0 a	68,6±1,9 b	63,6±2,2 b
Okres jesienny: temp.zew. 16°C Autumn period: ext. temp. 16°C			
Emisja gazów – Emission of gases:			
NH ₃ (ppm)	9,0±1,3 a	6,0±0,7 b	3,0±0,4 b
CO ₂ (%)	0,12±0,10 a	0,12±0,10 a	0,07±0,9 a
Mikroklimat – Microclimate:			
temperatura (°C) – temperature (°C)	17,3±2,0 a	17,5±2,1 a	17,6±2,1 a
wilgotność (%) – humidity (%)	76,8±3,9 a	74,4±2,8 ab	73,3±2,7 b
Okres zimowy: temp.zew. 3°C Winter period: ext. temp. 3°C			
Emisja gazów – Emission of gases:			
NH ₃ (ppm)	6,0±0,9 a	5,0±0,7 ab	3,0±0,4 b
CO ₂ (%)	0,11±0,10 a	0,08±0,09 a	0,14±0,10 a
Mikroklimat – Microclimate:			
temperatura (°C) – temperature (°C)	16,6±2,1 a	16,0±2,3 a	17,1±2,2 a
wilgotność (%) – humidity (%)	53,7±4,8 a	41,4±2,5 b	40,1±2,1 b

a,b– wartości w wierszach oznaczone różnymi literami różnią się statystycznie istotnie (P<0,05).

a,b – values in rows with different letters differ significantly (P<0.05.)

Tabela 3. Zawartość azotu i fosforu w próbkach paszy i kału (średnie arytmetyczne)
Table 3. Nitrogen and phosphorus content of feed and fecal samples (arithmetic means)

Cechy Traits	Grupy – Groups		
	I – kontrolna I – control	II – 2% ziół II – 2% herbs	III – 3% ziół III – 3% herbs
PASZA – FEED:			
Liczba próbek – Number of samples	3	3	3
N (%)	0,346	0,294	0,304
P (g/kg)	4,81	4,95	4,95
KAŁ – FECES:			
Liczba próbek – Number of samples			
N ogólny – średnia (%)	6	6	6
Total N – mean (%)			
– po 1 miesiącu (%) – after 1 month (%)	1,156	1,190	1,039
– po 2 miesiącach (%) – after 2 months (%)	1,197	1,224	1,024
– po 3 miesiącach (%) – after 3 months (%)	1,206	1,122	0,894
N niebiałkowy – średnia (%)	1,064	1,224	1,109
Non-protein N – mean (%)	0,301	0,246	0,237
– po 1 miesiącu (%) – after 1 month (%)	0,288	0,277	0,254
– po 2 miesiącach (%) – after 2 months (%)	0,387	0,250	0,202
– po 3 miesiącach (%) – after 3 months (%)	0,227	0,211	0,256
P – średnia (g/kg) – P – mean (g/kg)	3,46	4,95	4,95
– po 1 miesiącu (g/kg) – after 1 month (g/kg)	3,59	3,85	4,26
– po 2 miesiącach (g/kg) – after 2 months (g/kg)	3,38	3,71	3,40
– po 3 miesiącach (g/kg) – after 3 months (g/kg)	3,91	5,22	5,08

W tabeli 4 podano wyniki tuczu świń, uzyskane w trzech kolejnych sezonach. Rezultaty przedstawione w tej tabeli wskazują, że tempo wzrostu tuczników grup doświadczalnych w każdym z ocenianych sezonów było wyższe w porównaniu z grupą kontrolną. Najwyższe różnice średnich przyrostów dziennych między grupami kontrolną a doświadczalnymi wystąpiły w sezonie jesiennym, a najniższe w okresie zimowym. Wykorzystanie paszy bez względu na porę roku u tuczników wszystkich grup było podobne, chociaż w grupach doświadczalnych, z udziałem mieszanki ziołowej było niższe niż w grupie kontrolnej. Wszystkie zwierzęta cechował dobry stan zdrowia, nie odnotowano żadnych padnięć.

Tabela 4. Wyniki tuczu świń uzyskane w trzech sezonach: lato, jesień i zima
Table 4. Fattening results of pigs during 3 seasons: summer, autumn and winter

Wyszczególnienie Item	Grupy – Groups		
	I – kontrolna I – control	II – 2% ziół II – 2% herbs	III – 3% ziół III – 3% herbs
Sezon letni – Summer season			
Liczba świń – Number of pigs	20	20	20
Masa początkowa (kg) – Initial weight (kg)	22,10	22,65	23,40
Masa końcowa (kg) – Final weight (kg)	90,00	94,00	94,50
Średni przyrost dzienny (g) – Mean daily gain (g)	763	802	799
Zużycie paszy/1kg przyrostu (kg) – Feed conversion (kg/kg gain)	3,40	3,24	3,20
Sezon jesienny – Autumn season			
Liczba świń – Number of pigs	20	20	20
Masa początkowa (kg) – Initial weight (kg)	23,10	24,70	22,70
Masa końcowa (kg) – Final weight (kg)	93,65	101,30	97,75
Średni przyrost dzienny (g) – Mean daily gain (g)	810	879	862
Zużycie paszy/1kg przyrostu (kg) – Feed conversion (kg/kg gain)	3,29	3,05	3,00
Sezon zimowy – Winter season			
Liczba świń – Number of pigs	20	20	20
Masa początkowa (kg) – Initial weight (kg)	20,65	21,23	21,60
Masa końcowa (kg) – Final weight (kg)	97,65	98,38	102,35
Średni przyrost dzienny (g) – Mean daily gain (g)	793	795	832
Zużycie paszy/1kg przyrostu (kg) – Feed conversion (kg/kg gain)	3,33	3,40	3,50

Omówienie wyników

Wyniki przeprowadzonych badań dotyczących wykorzystania ziół jako dodatku do paszy świń rosnących wskazują na korzystne działanie wprowadzonego zestawu ziół do dawek pokarmowych, zarówno na warunki środowiskowe chlewni, jak i na efekty tuczu. W pomieszczeniach grup doświadczalnych obserwowano bardziej sprzyjające warunki bytowania zwierząt niż w grupie kontrolnej, co znalazło odzwierciedlenie w zakresie wyników produkcyjnych.

Wykonane analizy chemiczne nie wykazały większego wpływu zastosowanego dodatku ziół do paszy na poziom azotu i fosforu w próbkach paszy. Wyniki oznaczeń

azotu ogólnego i niebiałkowego w kale wskazują niewielki wpływ zawartego w paszy zestawu ziół na poziom wydalanego azotu. Jak wiadomo, ilość azotu białka właściwego wydalanego w kale może również niekorzystnie wpływać na warunki środowiskowe, głównie z uwagi na wzrost emisji amoniaku. Podobnie, zwiększona w grupach doświadczalnych ilość wydalanego fosforu może również ujemnie wpływać na warunki środowiskowe. Wydaje się, że stwierdzony w obu grupach doświadczalnych wyższy poziom fosforu w kale może być spowodowany mniejszą ilością wydalanego kału przez świnie lepiej przyswajające paszę. W różnych badaniach, u zwierząt otrzymujących w paszy różne zestawy ziół wykazano poprawę przyswajania paszy (Grela, 2001; Cho i in., 2006; Paschma i Wawrzyński, 2007).

Wyniki monitoringu środowiska pomieszczeń inwentarskich wskazują na pewien wpływ stosowania w żywieniu tuczników dodatku ziół do paszy na niektóre oceniane parametry. Pomiar emisji gazów w chlewni wykazały niższy poziom amoniaku w pomieszczeniach grup tuczników żywionych paszą z udziałem ziół, niż w chlewni grupy kontrolnej, podczas gdy wielkość emisji dwutlenku węgla w pomieszczeniach wszystkich grup była podobna. Jak wiadomo, uwalniany w pomieszczeniach inwentarskich amoniak jest niezwykle silnym odorantem wpływającym na obniżenie jakości powietrza i równocześnie pogorszenie warunków bytowania zwierząt. Mimo niewielkiego zróżnicowania w zakresie ilości azotu ogólnego i niebiałkowego w kale między ocenianymi grupami, poziom emisji amoniaku w poszczególnych pomieszczeniach był jednak zróżnicowany. Na niższy poziom emisji w pomieszczeniach grup doświadczalnych, prócz sposobu żywienia, mogła mieć wpływ mniejsza wilgotność w chlewniach. Wyższy poziom wilgotności powietrza wzmacnia efekty odoru, szczególnie w warunkach niższych temperatur, które występują w okresie jesieni i zimy. Ponadto, intensywny zapach charakteryzujący zioła podawane w paszy grup doświadczalnych mógł również niwelować przykry odór związany z emisją amoniaku. Wiadomo, że poziom uwalnianych gazów, oprócz retencji różnych związków w organizmach zwierzęcych, jest też w pewnym stopniu uzależniony od wielu czynników środowiskowych (Dore i in., 2004). Do nich zaliczyć należy również warunki mikroklimatyczne chlewni, jak temperatura, wilgotność i ruch powietrza (Walczak i in., 2009).

Wyższy poziom bytowania, jaki miał miejsce w pomieszczeniach grup doświadczalnych w ciągu trzech ocenianych sezonów znalazł odbicie w uzyskanych efektach produkcyjnych, przede wszystkim w zakresie tempa wzrostu. Wyraźnie wyższe przyrosty dzienne przy wyrównanym wykorzystaniu paszy stwierdzono u tuczników grup doświadczalnych, którym w paszy podawano mieszankę ziołową. Uzyskane wyniki znalazły potwierdzenie we wcześniejszych badaniach własnych (Paschma, 2000; Paschma i Wawrzyński, 2007) oraz innych autorów (Grela, 2001; Cho i in., 2006). Wyniki cytowanych wyżej prac nie tylko wskazały pozytywne działanie ziół w paszy tuczników na ich cechy produkcyjne lecz także na wartość dietetyczną pozyskanej wieprzowiny.

Podsumowując można stwierdzić, że zastosowanie w paszy tuczników dodatku mieszanki ziołowej może pozwolić na poprawę warunków środowiskowych w pomieszczeniu, w którym przebywają te zwierzęta. W chlewni, w której podawano świniom zioła obserwowano obniżony, w porównaniu z grupą kontrolną, poziom emisji

amoniaku, który jak wiadomo pogarsza warunki bytowania zwierząt. Efekt ten występował we wszystkich sezonach objętych badaniami i mógł też pośrednio wpływać na wyniki produkcyjne.

Piśmiennictwo

- Cho J.H., Che J.Y., Min B.J., Kim H.J., Yoo J.S., Ko T.G., Hyun Y., Kim I.H. (2006). Effects of dietary herbal plant mixture (Koppul[®]) on growth performance, blood immunological parameters, fecal VFA and NH₃-N concentration in growing pigs. *J. Anim. Sci. Tech.*, 48 (3): 375–382.
- Dore C.J., Jones B.M.R., Scholtens R., Burgess I.R., Huis I., Veld J.W.H., Phillips V.R. (2004). Robust methods for measuring ammonia emission rates from livestock buildings and manure stores. Part I. Comparative demonstrations of three methods on the farm. *Atmos. Environ.*, 38: 3017–3024.
- Grela E.R. (2001). Wpływ mieszanek ziołowych w żywieniu tuczników na wzrost i cechy mięsa. *Ann. Uniw. MCS, IX (Suppl.)*, Sect. EE: 243–248.
- Hanczakowska E., Świątkiewicz M. (2007). The effect of dietary herbal extracts on quality of pork. *Anim. Sci., Proc.*, 58. 9, 1: 49–50.
- Paschma J. (2000). Wpływ różnego udziału mieszanki ziołowej w dawkach na cechy tuczne i rzeźne świń rosnących. *Rocz. Nauk. Zoot., Suppl.*, 6: 191–194.
- Paschma J., Wawrzyński M. (2007). Effect of using herbs in pig diets on growth parameters, carcass traits and dietetic value of pork. *Pol. J. Nat. Sci., Suppl.*, 4: 71–76.
- Stahl C.R. (2005). Alternatives to antibiotics in feed for pigs. *Pig News and Info.*, 26 (1): 9N–15N.
- Varley M.A. (2004). Alternatives to antibiotic growth promoters for post-weaned piglets. *Proc. Pig Veterinary Society Meeting, Cheshire (UK)*, 5–6.05.2004, *Pig J.*, 54: 161–167.
- Walczak J., Szewczyk A., Radecki P., Krawczyk W. (2009). Wpływ systemu utrzymania świń na emisję związków azotu. *Rocz. Nauk. Zoot.*, 36, 2: 125–130.

Zatwierdzono do druku 27 X 2010

JOLANTA PASCHMA, ANDRZEJ KACZOR, PAWEŁ PARAPONIAK

Evaluation of the possibility of improving the breeding environment of pigs receiving dietary herb mixture

SUMMARY

The aim of the study was to evaluate the effect of adding a herb mixture to the feed of fattening pigs on breeding environment conditions and the related production results. The study involved 180 growing pigs in three seasons: summer, autumn and winter, with 60 animals per season. Animals were assigned to 3 groups, each having 20 animals and differing in the level of dietary herb mixture: 0, 2 and 3% of the ration in groups I (control), II and III (experimental), respectively. The herb mixture contained chamomile, mint, thyme, savory, coriander and caraway fruits, couch grass rhizome, milk thistle endosperm, and garlic bulbs. Each group was kept in separate facilities. Indoor environment conditions, monitored throughout the study, included temperature, humidity, and emissions of ammonia and carbon dioxide. In addition, N and P levels were analysed in samples of feed and feces. Production results of the pigs in the analysed seasons were also recorded. It was found that the dietary herbal supplement may improve the piggery

environment conditions. Compared to the control pigs, the facilities of experimental pigs that received herbs were characterized by considerably lower ammonia emission levels in all three seasons, which could indirectly influence production results through the improvement of living conditions.

Key words: fattening pigs, herbs, breeding environment, production results

POTENCJAŁ BIOGENNY OBORNIKA JAKO ŹRÓDŁO EMISJI AMONIAKU I ZAGROŻENIA ŚRODOWISKA

Wojciech Krawczyk, Jacek Walczak

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Dział Technologii, Ekologii i Ekonomiki Produkcji Zwierzęcej, 32-083 Balice k. Krakowa

Celem doświadczenia było określenie koncentracji związków biogenych (N,P,K) i wielkości emisji NH₃ z obornika pochodzącego od niosek, tuczników oraz krów, przechowywanego w okresie zimowo-wiosennym. Stwierdzono brak występowania fazy termofilnej w zachodzących przemianach biochemicznych. Najmniejsze straty azotu odnotowano w oborniku bydłowym (0,45 kg /t św.m) o dużej zawartości jego formy organicznej. Jednocześnie poziom strat P (1,5 kg /t św.m) i K (kg /t św.m) był tu najwyższy. Największy poziom emisji i strat związków azotowych określono dla obornika kurzego (2,94 kg /t św.m)

Stosowane obecnie systemy utrzymania zwierząt mają znaczny wpływ nie tylko na produktywność i jakość wytwarzanego produktu czy dobrostan zwierząt, ale także mogą stanowić źródło zagrożenia środowiska (Siegeford i Powers, 2008). Zastosowanie ściółki, podłóg rusztowych w systemach alkiej czy rozwiązania technologiczne dotyczące wentylacji wpływają nie tylko na komfort zwierząt, ale także na wielkość emisji szkodliwych domieszek gazowych, m.in. amoniaku czy dwutlenku węgla. Szkodliwe domieszki gazowe emitowane do atmosfery z fermowego utrzymania zwierząt oraz związki biogenne stosowane dogłębnie jako nawozy mogą niekorzystnie oddziaływać lokalnie oraz globalnie na powstawanie kwaśnych deszczy i efekt cieplarniany, eutrofizację wód oraz ich jakość higieniczną (Sommer i in., 2001; Azam i in., 2002). System ściółkowy należy do jednych z najpopularniejszych krajowych rozwiązań pozwalających na utrzymanie różnych gatunków zwierząt, biorąc pod uwagę choćby zagadnienie ich dobrostanu. W przechowywanym oborniku dochodzi do licznych przemian połączeń azotu w szeregu procesów, przede wszystkim amonifikacji, jak również nityfikacji czy denityfikacji. Kierunek tych przemian zależy od wielu czynników fizycznych i chemicznych, a realizowany jest z jednej strony poprzez aktywność ureazy, z drugiej przez mikroflorę obecną w odchodach zwierząt decydując o nawozowej jakości obornika. Szybkie przeprowadzenie fazy termofilnej, przy jednoczesnym stosunku C:N w zakresie 0:1 skutkuje powstaniem wolnodziałających organicznych połączeń pierwiastków biogenych (Goyal i in., 2005; Rose,

2004; Sasaki i in., 2003; Bicudo i in., 2002; McCrory i Hobbs, 2001; McCulloch i in., 1998). Niekorzystny stosunek C:N w odchodach i oborniku wpływa na zbyt szybką jego mineralizację i słabą retencję azotu w kompleksie sorpcyjnym gleby.

Celem doświadczenia było określenie koncentracji związków biogenych i wielkości emisji NH_3 z obornika pochodzącego od kur, trzody chlewnej i bydła w okresie zimowo-wiosennym, jako potencjalnego zagrożenia środowiskowego.

Material i metody

Materiał doświadczalny stanowił obornik w ilości 5 t/pryzmę, pochodzący od niosek Isa Brown (nieśność 320 jaj), tuczników mieszańców ras pbz × wbp (przyrosty 750 g) oraz od krów mlecznych rasy czb (70% hf) o wydajności 6 tys. litrów mleka. W skład obornika, obok odchodów, wchodziła słoma pszenna nie cięta będąca ściółką w pomieszczeniach inwentarskich. Zwierzęta żywione były zgodnie ze standardami wynikającymi z aktualnych norm żywienia IZ INRA według schematu obowiązującego na fermie. Wartości pokarmowe dla poszczególnych gatunków zwierząt przedstawiono w tabeli 2.

Obornik kurzy, bydłocy i świński przechowywany był przez 3 miesiące w czasie rosnących temperatur, tj. od lutego do kwietnia na płytach obornikowych o identycznych wymiarach $3,0 \times 5,0 \times 2,5$ m. Doświadczenie zostało przeprowadzone w 4 powtórzeniach.

W czasie trwania poszczególnych powtórzeń zbierano dane pomiarowe dotyczące mikroklimatu zewnętrznego oraz właściwości fizyko-chemicznych pryzm: temperatura, wilgotność względna oraz pH. Pomiaru mikroklimatyczne zostały wykonane za pomocą elektronicznego miernika firmy Testosterm, Testo 9610 w sposób ciągły. Określano także stężenie amoniaku mierzone codziennie o godzinie 8.00, 13.00 i 19.00. Pomiar emisji przeprowadzono fotojonizacyjnym miernikiem gazowym Multi PID II przy wykorzystaniu tuneli aerodynamicznych tzw. "climatic-respiration chamber". Konstrukcja oraz wykonanie tuneli pozwalały na uzyskanie w pełni kontrolowanych przepływów na poziomie 1,0 m/s. Dopływ i usuwanie powietrza odbywały się poprzez komputerowo sterowany, nadciśnieniowy system wentylacji. Monitoringowi poddano zarówno skład powietrza wlotowego jak i wylotowego. Dokonano także pomiarów składu obornika (NPK, sucha masa) na początku i na końcu 3-miesięcznego okresu przechowywania.

Uzyskane dane poddano jednoczynnikowej analizie wariancji przy użyciu programu Statgraphics.

Wyniki

Analizując uzyskane w ramach badań wyniki stwierdzono wysoką istotność różnicowania składu początkowego pod względem NPK (tabeli 1).

Tabela 1. Początkowa zawartość związków biogennych w oborniku oraz początkowa zawartość suchej masy i wartość pH (N, P, K kg/t.św.m.)

Table 1. Initial content of biogenic compounds in manure and initial values of dry matter and pH (N, P, K kg/t fresh matter)

Wyszczególnienie Item	N – całkowity N - total	N – organiczny N - organic	P	K	C:N	s.m. d.m. (%)	pH
Obornik nioski Layer manure	7,62 aA	4,01 a	0,17 A	0,18 A	20:1	29,5	8,6
Obornik tuczniki Fattening pig manure	10,34 bB	5,80 bA	8,35 B	9,58 B	11,95:1	28,44	7,8
Obornik krowy Cow manure	3,35 cC	2,85 cB	2,35 C	4,92 C	25,09:1	27,00	7,5

a, b, c – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,05$).

A, B, C – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,01$).

a, b, c – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0,05$).

A, B, C – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0,01$).

Tabela 2. Wartości dawki pokarmowej dla poszczególnych gatunków zwierząt

Table 2. Rations for different animal species

Wyszczególnienie Item	EM (MJ) ME (MJ)	BO CP (%)
Nioski Layers	11,5	17,50
Tuczniki Fattening pigs	18,67	16,11
Krowy mleczne Dairy cows	17,5	18,11

Jak wynika z tabeli 2, zapotrzebowanie EM i BO wszystkich gatunków kształtowało się na zbliżonym poziomie.

Znaczny odsetek N-całkowitego stanowi przy tym jego forma organiczna. Najwyższy poziom osiąga ona w oborniku bydlęcym, bo aż 2,85 kg/t św.m. Zasadniczą rolę odgrywa też stosunek C:N. Jego wartość decydowała bowiem o efektywności zachodzących w oborniku przemian mikrobiologicznych i wielkości emisji szkodliwych domieszek gazowych. Optymalny stosunek C:N wynosi 20–30:1, pozwala bowiem na uzyskanie dużej ilości szybko przyswajalnych form azotu. W oborniku pochodzącym od niosek i krów wynosił on odpowiednio 20:1 i 25,09:1. W przypadku obornika tuczników był natomiast niższy i jego wartość osiągnęła 11,95:1 o czym zdecydowała wielkość ściółowania. Ten niekorzystny stosunek C:N miał poważny wpływ na tempo i kierunek zachodzących w przyzmacach przemian. Po 3-miesięcznym okresie przechowywania w okresie zimowo-wiosennym zwiększył się on nieznacznie i wynosił 12,08.

Świadczy to o niewielkim nasileniu pożądaných przemian mikrobiologicznych w oborniku od tuczników, związanych głównie z namnażaniem mikroflory psychro- i mezofilnej w miejsce termofilnej.

Dowodem tego kierunku przemian jest znaczna redukcja zawartości azotu całkowitego (2,00 kg/t.św.m), której towarzyszą straty pozostałych obu form tego pierwiastka. Zawartość azotu organicznego zmniejsza się przy tym zaledwie o 0,06 kg/t.św.m, natomiast ogólnego o 2,00 kg/t.św.m. Straty azotu powstają zatem we frakcji mineralnej.

Największym wzrostem wartości C:N odznaczał się obornik niosek, który osiągnął 53,5:1. W oborniku kurzym aktywność przemian biochemicznych osiągnęła najwyższy poziom a konsekwencją była największa emisja amoniaku (2,94 kg/t.św.m) – blisko dwukrotnie wyższa od tej charakteryzującej obornik tuczników i znacznie przewyższająca wielkość emisji oznaczoną dla obornika krów (0,45 kg/t.św.m). Jednocześnie w równym udziale spadła zawartość azotu organicznego i mineralnego. Wzrost C:N wskazuje jednocześnie na pozostawanie zasobów węgla na tym samym poziomie, a więc brak aktywności mikroflory tlenowej.

Skład obornika trzody chlewnej charakteryzuje się wysokim udziałem azotu organicznego, stosunkowo trudniej dostępnego dla mikroflory i gorzej rozkładanego przez ureazę. Tym samym to w nim mają miejsce najmniejsze straty azotu przy dużym udziale organicznych form tego pierwiastka (tab. 3). Wszystkie rodzaje obornika odznaczały się natomiast spadkiem zawartości fosforu i potasu oraz suchej masy.

Tabela 3. Straty zawartości związków biogennych w oborniku oraz końcowa zawartość suchej masy i wartość pH (N, P, K kg/t.św.m)

Table 3. Loss of biogenic compounds from manure and terminal values of dry matter and pH (N, P, K kg/t fresh matter)

Wyszczególnienie Item	N – całkowity N – total	N – organiczny N – organic	P	K	C:N	s.m d.m. (%)	pH
Obornik nioski Layer manure	2,67 aA	1,72 A	0,05 A	0,04 A	53,5:1	38,5	8,6
Obornik tuczniaki Fattening pig manure	2,00 bA	0,06 B	0,13 B	1,79 aB	12,08:1	37,66	7,4
Obornik krowy Cow manure	0,38 cB	0,27 C	1,50 C	1,15 bB	23,64:1	31,90	7,1

a, b, c – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,05$).

A, B, C – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,01$).

a, b, c – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0,05$).

A, B, C – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0,01$).

Tabela 4. Średnie wartości mikroklimatyczne otoczenia w trakcie przechowywania przyzmu obornika
Table 4. Mean outdoor climate values during manure heap storage

Temperatura Temperature ($^{\circ}$ C)	Prędkość ruchu powietrza Rate of air movement (m/s)	Wilgotność zewnętrzna Outdoor humidity (%)
13,52±11,2	1,5±1,3	47,18±15,2

Szczególną rolę odgrywa tu oczywiście emisja amoniaku powstającego przy współudziale ureazy. Emisja amoniaku jest głównym źródłem strat tego składnika z obornika. Generalnie straty te są w okresie zimowo wiosennym znacząco większe niż w letnim.

Tabela 5. Łączna emisja amoniaku (kg/t.św.m) z obornika za okres 3 miesiące przechowywania
 Table 5. Total ammonia emissions (kg/t fresh matter) from manure over a 3-month storage period

Wyszczególnienie Item	NH ₃
Obornik nioski Layer manure	2,94 aA
Obornik tuczniaki Fattening pig manure	2,40 bA
Obornik krowy Cow manure	0,45 B

a, b – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,05$).

A, B – wartości w kolumnach oznaczone różnymi literami różnią się istotnie ($P \leq 0,01$).

a, b – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0.05$).

A, B – values in columns with different letter differ significantly ($P \leq 0.01$).

Niestety, emisja amoniaku wynosząca średnio 2,40 kg/t.św.m (tabela 5) dla tego rodzaju przyzmu, świadczy o stosunkowo dużych stratach azotu do atmosfery.

Odczyn pH obornika krów był zasadowy i po 3-miesięcznym okresie przechowywania był taki sam, jak w momencie zakładania przyzmu (8,6). Potwierdza to niską aktywność mikroflory i bezpieczniejszy dla środowiska udział form organicznych NPK. W przypadku tuczniaków i krów pH nieznacznie się obniżyło i miało charakter obojętny.

Omówienie wyników

W trakcie przechowywania obornika pochodzącego od niosek, tuczniaków i krów dochodzi do znaczących strat i zmian form czynnych zawartych w nich pierwiastków biogennych. Poziom redukcji zawartości związków biogennych w oborniku związany jest ściśle z przebiegiem warunków pogodowych, a zwłaszcza termicznych (Krawczyk i in., 2010). Brak fazy termofilnej skutkuje niekorzystnym rozwojem mikroflory mezofilnej oraz utrzymaniem aktywności chemicznej ureazy, a tym samym znaczącej emisji NH₃, która osiągnęła wartość 2,94 kg/św.m, co tłumaczy wzrost wartości C:N w przypadku obornika niosek 53,5:1. Różnicę wielkości emisji w przypadku obornika niosek można więc tłumaczyć znaczną redukcją zawartości N-całkowitego, której towarzyszy strata pozostałych form tego pierwiastka, w tym amoniaku.

Obornik trzody chlewnej charakteryzuje się wysokim udziałem azotu organicznego, stosunkowo trudniej dostępnego dla mikroflory i gorzej rozkładanego przez ureazę. Stąd straty azotu są w tym przypadku minimalne. W przypadku zawartości P i K zmiana jest stosunkowo niewielka, w przeciwieństwie do obornika bydłowego, gdzie zmiana zawartości P i K sięga odpowiednio powyżej 50% i 25% składu początkowego, co tłumaczy występowanie w składzie łatwo wymywanych mineralnych połączeń tych pierwiastków i jednocześnie prowadzi do największych strat P i K.

Największymi stratami azotu w postaci emisji amoniaku charakteryzuje się obornik kurzy, przy jednoczesnym najniższym poziomie strat P i K. Rozpatrując zagadnie-

nie strat azotu na drodze emisji gazowych należy stwierdzić, że mają one swoje źródło zarówno w działalności ureazy rodzimej dla odchodów, jak i przemianach mikrobiologicznych zdefiniowanych w procesach amonifikacji, nitryfikacji i denitryfikacji (Petersen i in., 2001, Kim i Paterson, 2003). Każdy z gazów powstających na skutek przemian związków azotu, a wśród nich amoniak, zawartych w odchodach posiada odmienne znaczenie środowiskowe (Aneja, 2000). Amoniak lokalnie przyczynia się do powstawania kwaśnych deszczy i eutrofizacji naturalnych ekosystemów wodnych oraz glebowych. Jest on również silnym odorantem pogarszającym jakość powietrza (Herbut i in., 2010; Chapin i in., 1998).

Piśmiennictwo

- Aneja C. (2000). Characterization of atmospheric ammonia emissions from swine waste storage and treatment lagoons. *J. Geophys. Res. – Atmos.*, 105 (D9): 11535–11545.
- Azam F., Müller C., Weiske A., Benckiser G., Ottow J.C.G. (2002). Nitrification and denitrification as sources of atmospheric nitrous oxide – role of oxidizable carbon and applied nitrogen. *Biol. Fertil. Soils.*, 35: 54–61.
- Bicudo J.R., Schmidt D.R., Gay S.W., Gates R.S., Jacobson L.D., Hoff S.J. (2002). Air quality and emissions from livestock and poultry production/waste management systems. *Nat. Cent. for Manure and Animal Waste Management White Paper*. North Carolina Univ., 157 pp.
- Goyal S., Dhull S.K., Kapoor K.K. (2005). Chemical and biological changes during composting of different organic wastes and assessment of compost maturity. *Bioresour. Tech.*, 96 (14): 1584–1591.
- Herbut E., Walczak J., Krawczyk W., Szewczyk A., Pająk T. (2010). Badania emisji odorantów z utrzymania zwierząt gospodarskich. W: *Współczesna problematyka odorów*. Wyd. WNT, pp. 1–14.
- Kim W.K., Patterson P.H. (2003). Effect of minerals on activity of microbial uricase to reduce ammonia volatilization in poultry manure. *Poult. Sci.*, 82 (2): 223–231.
- Krawczyk W., Walczak J., Szewczyk A. (2010). Effect of weather conditions on ammonia emission rates from chicken manure. *Proc. IIIrd Int. Conf.: The impact of environmental conditions – animal welfare, pollutions, economics, Cracow, 25–27.05.2010*, pp. 33–41.
- McCroory D.F., Hobbs P.J. (2001). Additives to reduce ammonia and odor emissions from livestock wastes. *J. Environ. Qual.*, 30 (2): 345–355.
- McCulloch R.B., Few G.S., Murray G.C., Aneja J.P. (1998). Analysis of ammonia, ammonium aerosols and acid gases in the atmosphere at a commercial hog farm in eastern North Carolina, USA. *Environ Pollut.*, 102: 263–268.
- Petersen S.O., Kristensen K., Eriksen J. (2001). Denitrification losses from outdoor piglet production. *J. Environ. Qual.*, 30: 1051–1056.
- Rose A.J. (2003). Development of an ammonia emission protocol and preliminary emission factor for a central Texas dairy. *Thesis.*, 12 pp.
- Sasaki N., Suehara K., Kohoda J., Nakano Y., Yano T. (2003). Effects of C/N ratio and pH of raw materials on oil degradation efficiency in a compost fermentation process. *J. Bios. Bioeng.*, 96 (1): 47–52.
- Siegeford J.M., Powers W. (2008). Environmental aspects of ethical animal production. *Poult. Sci.*, 87: 380–386.
- Sommer S.G., Sogaard H.T., Noller H.B., Morsing S. (2001). Ammonia volatilization from sows on grassland. *Atmos. Environ.*, 35: 2023–2032.

WOJCIECH KRAWCZYK, JACEK WALCZAK

Biogenic potential of manure as a source of ammonia emission and environmental threat

SUMMARY

The aim of the experiment was to determine the concentration of biogenic compounds (N, P, K) and volume of NH₃ emission from laying hen, fattening pig and cow manure stored during the period of increasing ambient temperature. No thermophilic phase was observed during biochemical metabolism. The lowest nitrogen losses were found for cattle manure (0.45 kg /t fresh matter) with a high content of organic nitrogen. At the same time, cattle manure was characterized by the highest losses of P (1.5 kg/t fresh matter) and K (kg/t fresh matter). The highest level of nitrogen compound emission and losses was found for chicken manure (2.94 kg/t fresh matter).

Key words: chicken, pig and cattle manure, biogenic compounds, ammonia emission, storage period

