

POLIMORFIZM W GENIE MIOSTATYNY (*MSTN*) A WZROST I WARTOŚĆ RZEŻNA BROJLERÓW ROSS 308*

Urszula Kaczor^{1*}, Katarzyna Połtowicz², Dominik Bzdziła¹,
Joanna Nowak²

¹Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, Katedra Żywnienia, Biotechnologii Zwierząt i Rybactwa,
ul. Rędzina 1b, 30-248 Kraków

²Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy w Krakowie, Zakład Hodowli Drobiu,
32-083 Balice k. Krakowa

*E-mail: rzkaczor@cyf-kr.edu.pl

*Przeprowadzono identyfikację polimorfizmów g.2242C>G i g.2373C>T w locus genu *MSTN* u kurcząt linii Ross 308 odchowywanych do wieku 45 dni. Stwierdzono brak SNP g.2242C>G, populacja była monomorficzna i występowały w niej tylko ptaki o genotypie CC. Zidentyfikowano polimorfizm g.2373C>T i wykazano najwyższą frekwencję kogutków o genotypach CT (0,43), oraz CC (0,36). Allel T z substytucją pojawiał się z częstością 0,43. Przeprowadzona analiza wzrostu kogutków do 45. dnia życia oraz parametrów wartości rzeźnej i cech fizyko-chemicznych jakości mięsa wykazała brak wpływu zmienności w genie *MSTN* na badane parametry.*

*Słowa kluczowe: brojlery kurze, wartość rzeźna, jakość mięsa, polimorfizm, *MSTN**

Miostatyna (*MSTN*, *GDF8*) należy do dużej rodziny białek tzw. transformujących czynników wzrostu (*TGF-beta*). *GDF8* ma bezpośredni wpływ na proliferację i różnicowanie komórek osteo-progenitorowych, a antagoniści i inhibitory miostatyny mogą zwiększać zarówno masę mięśniową, jak i wytrzymałość kości (Elkasrawy i Hamrick, 2010). Gen *MSTN* wykazuje znaczną zmienność u zwierząt gospodarskich, a określenie przyczyn obecności tzw. podwójnego umięśnienia u bydła rasy błękitnej belgijskiej wzbudziło zainteresowanie badaczy i spowodowało w kolejnych latach identyfikację szeregu polimorfizmów u wielu gatunków, m.in. bydła, owiec, świń, koni (Han i in., 2013; Hill i in., 2010; McPherron i Lee, 1997; Qian i in., 2015). Badania zmienności w genie *MSTN* kury zapoczątkowali Baron i in. (2002), podając jego strukturę. Sekwencja genu u tego gatunku jest podobna do innych gatunków kręgowców. Jest on lokowany w 7. chromosomie i zawiera 3 eksony kodujące 375–376 aminokwa-

sów. Wykazano w nim szereg polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (SNP) m.in. u rasy leghorn, lokalnych ras chińskich, indyjskich czy indonezyjskich (Mott Ivarie, 2002; Kumar i in., 2007; Khaerunnisa i in., 2016; Paswan i in., 2014). Ye i in. (2007) wykazali wysoki stopień zmienności sekwencji DNA w genie *MSTN* i jego związek z masą ciała u brojlerów ras chińskich. Wśród kilku stad kur rasy bian wykryto SNP c.234G>A w 1. eksonie genu *MSTN*. Wykazano, że genotyp wykazuje związek ze wzrostem brojlerów w okresie od 6. do 18. tygodnia życia. Wyniki te potwierdzają możliwości zastosowania mutacji w genie miostatyny jako markera genetycznego w hodowli drobiu (Zhang i in., 2012).

Produkty pochodzenia zwierzęcego stanowią główny filar światowej produkcji żywności. Znaczący, bo aż 4-krotny wzrost produkcji mięsa obserwowano na przestrzeni poprzednich pięciu dekad (Kwasek, 2013). Brojlery kurze to podstawowy materiał rzeźny, a w skali światowej jest to aż 86% wszystkich ubijanych na mięso ptaków (Nowak i Trziszka, 2010).

Od lat dziewięćdziesiątych XX wieku firmy hodowlane oferują szereg nowych linii użytkowych kur mięsnych o szczególnie dużym udziale mięśni piersiowych. Wśród nich na uwagę zasługuje linia Ross 308 obecna od 2005 roku, początkowo w zestawie 208 a następnie 308, 508 i wreszcie 708. Linia Ross 308 to jedna z najpopularniejszych linii kurcząt brojlerów utrzymywanych w naszym kraju wyróżniająca się bardzo dobrym tempem wzrostu, dużą odpornością na choroby, przeżywalnością, optymalnym wykorzystaniem paszy i dobrą wydajnością rzeźną.

Celem podjętych badań była identyfikacja polimorfizmów g.2373C>T oraz g.2242C>G w 1. eksonie genu miostatyny u brojlerów linii Ross 308 oraz określenie wpływu zmienności na ich wzrost i wartość rzeźną.

Material i metody

Material

Material doświadczalny stanowiło 141 kogutków linii Ross 308. Wszystkie pisklęta pochodziły z komercyjnego zakładu wylęgu drobiu w Łęzkowicach. Jednodniowe indywidualnie oznakowane pisklęta umieszczono na głębokiej ściółce w przedziałach o powierzchni 3,5 m² i odchowywano w standaryzowanych warunkach środowiskowych (temperatura, wilgotność względna i światło) przy wielkości obsady wynoszącej 33 kg/m². Przez cały okres odchowu kurczęta żywiono do woli jednakowymi pełnoporcjowymi mieszankami paszowymi starter (od 1. do 21. dnia życia), grower (22. do 35. dnia życia) i finisz (od 35. do 45. dnia życia) zawierającymi odpowiednio 22%, 20,5% i 20,5% białka ogólnego oraz 2990, 3130 i 3130 kcal/kg. Przez cały okres odchowu ptakom zapewniono swobodny dostęp do wody. Odchów kurcząt przeprowadzono na Doświadczałnej Fermie Drobiu Instytutu Zootechniki PIB w Aleksandrowicach.

Metody

Ocena cech użyteczności mięsnej kurcząt brojlerów

Podczas odchowu kogutków, w odstępach tygodniowych oraz w 45. dniu życia, kontrolowano ich indywidualną masę ciała. Przed ubojem w 45. dniu życia kurczęta

poddano 8-godzinnemu głodzeniu. Podczas uboju z żyły szyjnej pobrano krew w celu przeprowadzenia izolacji genomowego DNA. Uzyskane w wyniku obróbki poubojowej tuszki poddano chłodzeniu przez 24 godziny w temp. 4°C, a następnie określono ich masę. Schłodzone tuszki poddano uproszczonej analizie rzeźnej, podczas której określono masę mięśni piersiowych i mięśni nóg, masę podrobów jadalnych (żółdka, wątroby i serca), masę kości nóg oraz masę tłuszczu sadelkowego. W oparciu o uzyskane dane wyliczono wydajność rzeźną z podrobami i bez podrobów oraz udział procentowy mięśni piersiowych i mięśni nóg, podrobów, kości nóg i tłuszczu sadelkowego w stosunku do masy tuszki z podrobami.

Mięśnie piersiowe (*pectoralis superficialis*) wszystkich poddanych analizie rzeźnej kurcząt brojlerów oceniono pod względem wybranych parametrów technologicznych: barwy, kwasowości, strat termicznych oraz siły cięcia. Barwę mięśni piersiowych określono w skali CIE $L^*a^*b^*$ po 24 godzinach od uboju przy pomocy kolorymetru Minolta CR 310 (Minolta Camera C, Osaka, Japonia). Pomiarami objęto wewnętrzną powierzchnię lewego mięśnia piersiowego powierzchniowego *pectoralis superficialis* natychmiast po oddzieleniu go od kości. Do badań wybierano powierzchnie wolne od przebarwień, wybroczyn i widocznych naczyń krwionośnych oraz wszelkich defektów pojawiających się w mięsie. Dla każdej próbki wykonano po sześć pomiarów, wyliczając średnią dla poszczególnych wskaźników barwy: L^* (jasność) a^* (czerwień) b^* (żółć).

Kwasowość mięśni określono przy pomocy przenośnego pH-metru CyberScan10 (Eutech Cybernetics, Singapur) wyposażonego w szklaną elektrodę do badania mięsa i sondę temperaturową umożliwiającą automatyczną kompensację temperatury. Pomiar wykonano 24 godziny po uboju poprzez umieszczenie elektrody pod kątem około 45° w połowie grubości lewego mięśnia piersiowego powierzchniowego. Przed przystąpieniem do badań wykonano dwupunktową kalibrację elektrody w buforach kalibracyjnych o pH 4,01 i 7,00, których temperatury były zbliżone do temperatury pomiaru.

Straty termiczne określono na podstawie procentowego ubytku masy mięśni piersiowych podczas gotowania. Próbki o masie około 190 g ($e = 0,001$ g) umieszczono w szczelnych woreczkach foliowych i gotowano w temp. 100°C przez około 15 minut do momentu osiągnięcia wewnętrznej temperatury 76°C w najgrubszym miejscu próbki. Po zakończeniu gotowania próbki chłodzono w temperaturze pokojowej przez 30 minut, a następnie w temp. 4°C przez 45 minut. Straty termiczne obliczono, odejmując masę próbki po gotowaniu od masy próbki przed gotowaniem, a następnie dzieląc uzyskany wynik przez masę próbki przed gotowaniem.

Siłę cięcia określono, dokonując pomiaru maksymalnej siły potrzebnej do przecięcia próbki gotowanych mięśni piersiowych. Badania wykonano przy użyciu maszyny wytrzymałościowej Instron 5542 (Instron, High Wycombe, Anglia) wyposażonej w nóż tnący Warner-Bratzler. Z najgrubszej górnej części gotowanego, schłodzonego prawego mięśnia piersiowego powierzchniowego wycinano walce o średnicy 1,27 cm i długości około 3 cm. Tak przygotowaną próbkę przecinano trójkątnym ostrzem Warner-Bratzler w trzech miejscach w kierunku prostopadłym do przebiegu włókien mięśniowych.

Izolacja DNA

Krew żylną pobrano od ptaków podczas uboju w 45. dniu życia, umieszczając ją w próbkówkach zawierających czynnik zapobiegający krzepnięciu – kwas etylenodwuaminoczworowocowy (EDTA). W celu wyizolowania genomowego DNA wykorzystano zestaw odczynników MasterPure Genomic DNA Purification Kit (Epicentre). Stopień przydatności do dalszych analiz wyizolowanego roztworu DNA oceniono przy użyciu spektrofotometru NanoDrop 2000c (Thermo Fisher Scientific), analizując czystość i koncentrację DNA w roztworze.

PCR-RFLP

W celu powielenia fragmentu DNA genu *MSTN* wykorzystano reakcję PCR. Sekwencję starterów zsyntetyzowaną w firmie Genomed (Warszawa) zaczerpnięto z publikacji Ye i in. 2007. Startery miały następującą sekwencję:

(F) 5'-TAGTCAGCCCACAGAGAACG-3'

(R) 5'-CGAAAGCAGCAGGGTTGTTA-3'

Temperaturę przyłączania starterów dobrano poprzez wykonanie gradientu temperaturowego w termocyklerze Eppendorf Mastercycler Ep Gradient Thermal Cyclers. Objętość mieszaniny reakcyjnej to 20 μ l o składzie: 1x bufor polimerazy, 2,5 mM MgCl₂, 0,2 mM każdego z primerów, 0,25 mM dNTP, 1,2 U polimerazy (Thermo Fisher Scientific), 200 ng DNA genomowego. Program termiczny wynosił: 94°C – 3 min; 35 cykli: 94°C – 30 s, 59°C – 30 s, 72°C – 5 min.

W celu wykrycia polimorfizmu pojedynczego nukleotydu w 1. egzonie genu miostatyny wykorzystano enzym *HinP1* dla identyfikacji mutacji g.2242C>G, a także enzym *BbsI* (mutacja g.2373C>T). Wyniki trawienia enzymami restrykcyjnymi oceniono na 3-procentowym żelu agarozowym z markerem O'GeneRuler™ Ultra Low Range DNA Ladder (Fermentas), w warunkach: 80V, 400 mA przez 40 minut.

Analiza statystyczna

Dokonując analizy statystycznej obliczono frekwencje alleli oraz genotypów, porównując liczbę osobników o danym genotypie do liczby wszystkich osobników. Posługując się testem χ^2 sprawdzono, czy badana populacja znajduje się w równowadze Hardy'ego-Weinberga. W celu określenia wpływu genotypu na parametry wzrostu, wartości rzeźnej, cechy jakości mięsa zastosowano jednoczynnikową analizę wariancji wykorzystując program STATISTICA wersję 13, procedura GLM (StatSoft Polska). Do porównań wielokrotnych stosowano test Tuckeya dla nierównych liczebności.

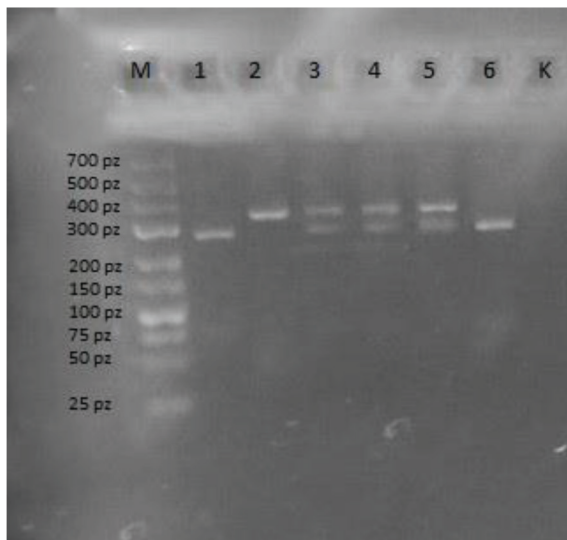
Wyniki

W wyniku przeprowadzenia reakcji amplifikacji uzyskano fragment sekwencji o długości 321 pz, stanowiący część 1. eksonu genu *MSTN* (ID AF346599). W badanym fragmencie stwierdzono brak substytucji g.2242C>G, cała badana populacja była monomorficzna i wszystkie kurczęta miały genotyp CC.

Identyfikacja substytucji g.2373C>T przy użyciu enzymu restrykcyjnego *BpsI* wykazała obecność alleli C i T oraz trzech możliwych genotypów (tab. 1).

Tabela 1. Frekwencja genotypów i alleli w locus g.2373C>T u Ross 308
Table 1. Frequency of genotypes and alleles at the g.2373C>T locus in Ross 308 broilers

Frekwencja genotypów Genotype frequency			Frekwencja alleli Allele frequency	
CC	CT	TT	C	T
0,36	0,43	0,21	0,57	0,43



Rys. 1. Produkty trawienia enzymem *BpsI* (g.2373C>T) na żelu agarozowym. M – marker wielkości GeneRuler Low Range DNA Ladder, K – próba kontrolna, ścieżka 1 i 6 to genotyp TT, ścieżka 2 to CC. Heterozygoty CT znajdują w studzienkach oznaczonych numerami 3, 4 i 5, prążki o długościach 321pz, 275pz oraz 411pz

Fig. 1. *BpsI* enzyme digestion products (g.2373C>T) on agarose gel. M – size marker GeneRuler Low Range DNA Ladder, K – control sample, lanes 1 and 6 are TT genotype, lane 2 is CC. CT heterozygotes are in wells 3, 4 and 5, bands of 321 bp, 275 bp and 411 bp

Wykazano, że najczęściej pojawiał się allel C (0,57) i kurczaki o genotypach CT (0,43) oraz CC (0,36) (rys. 1). Badana populacja znajdowała się w równowadze Hardy'ego-Weinberga.

Przeprowadzona analiza związku genotypu w locus g.2373C>T z masą ciała kogutków oznaczaną w kolejnych tygodniach do osiągnięcia końcowej masy ciała w 45. dniu życia nie wykazała różnic statystycznie istotnych (tab. 2). Należy jednak zauważyć, że najwyższą początkową i końcową masą ciała cechowały się kogutki o genotypie TT.

Tabela 2. Średnia najmniejszych kwadratów (LSM \pm SE) dla masy ciała kurczaków o różnych genotypach w locus g.2373C>T w genie *MSTN*Table 2. Least square means (LSM \pm SE) for body weight of chickens of different genotypes at the g.2373C>T locus in the *MSTN* gene

Masa ciała (g) Body weight (g)	Genotyp <i>MSTN</i> <i>MSTN</i> genotype		
	CC	CT	TT
1. dzień day 1	45,27 \pm 0,61	45,65 \pm 0,63	46,42 \pm 0,84
7. dzień day 7	162,55 \pm 2,48	166,42 \pm 2,68	153,88 \pm 3,16
14. dzień day 14	466,25 \pm 7,40	460,81 \pm 6,65	441,92 \pm 9,34
21. dzień day 21	988,25 \pm 13,27	969,38 \pm 12,67	945,00 \pm 18,11
28. dzień day 28	1703,60 \pm 20,90	1651,00 \pm 19,19	1620,00 \pm 29,09
35. dzień day 35	2414,00 \pm 27,76	2357,69 \pm 21,46	2367,69 \pm 35,47
45. dzień day 45	3446,58 \pm 28,00	3529,86 \pm 27,55	3540,73 \pm 26,55

Na 14 analizowanych cech wydajności poubojowej oraz na 4 fizykochemiczne cechy mięśni piersiowych wpływ genotypu okazał się także statystycznie nieistotny (tab. 3 i 4).

Tabela 3. Średnie (LSM \pm SE) dla parametrów poubojowych kurcząt o różnych genotypach w locus g.2373C>T w genie *MSTN*Table 3. Means (LSM \pm SE) for post-slaughter parameters of chickens of different genotypes at the g.2373C>T locus in the *MSTN* gene

Cecha Parameter	Genotyp <i>MSTN</i> <i>MSTN</i> genotype		
	CC	CT	TT
1	2	3	4
Straty po schładzaniu (%) Chilling loss (%)	1,70 \pm 0,33	1,73 \pm 0,54	1,71 \pm 0,26
Masa tuszki po schładzaniu (g) Carcass weight after chilling (g)	2585,38 \pm 22,97	2651,65 \pm 21,20	2693,64 \pm 28,14
Wydajność rzeźna z podrobami (%) Dressing percentage with giblets (%)	77,99 \pm 0,23	78,09 \pm 0,26	78,60 \pm 0,26
Wydajność rzeźna bez podrobów (%) Dressing percentage without giblets (%)	75,00 \pm 0,24	75,14 \pm 0,27	75,67 \pm 0,29
Mięśnie piersiowe (g) Breast muscles (g)	854,23 \pm 9,97	886,35 \pm 9,06	876,73 \pm 20,17
Mięśnie piersiowe (%) Breast muscles (%)	31,86 \pm 0,25	32,24 \pm 0,22	31,51 \pm 0,77

cd. tab. 3
Table 3 – contd.

1	2	3	4
Mięśnie nóg (g) Leg muscles (%)	539,27±7,34	558,13±9,36	565,49±14,16
Mięśnie nóg (%) Leg muscles (%)	20,37±0,21	20,33±0,26	20,36±0,39
Podroby (%) Giblets (%)	3,83±0,05	3,79±0,06	3,72±0,08
Wątroba (%) Liver (%)	2,46±0,05	2,45±0,05	2,34±0,06
Żołądek (%) Gizzard (%)	0,81±0,02	0,80±0,02	0,80±0,04
Serce (%) Heart (%)	0,57±0,01	0,54±0,01	0,58±0,03
Kości nóg (%) Leg bones (%)	4,47±0,06	4,64±0,07	4,44±0,07
Tłuszcz sadełkowy (%) Abdominal fat (%)	1,35±0,05	1,13±0,05	1,28±0,12

Tabela 4. Średnie najmniejszych kwadratów (LSM ±SE) dla parametrów jakości mięsa kogutków o różnych genotypach w locus *g.2373C>T* w genie *MSTN*Table 4. Least square means (LSM ±SE) for meat quality parameters of cockerels of different genotypes at the *g.2373C>T* locus in the *MSTN* gene

Cecha Parameter	Genotyp <i>MSTN</i> <i>MSTN</i> genotype		
	CC	CT	TT
pH24	5,79±0,01	5,83±0,02	5,77±0,02
Barwa: Colour:			
L*	59,08±0,40	58,54±0,40	59,12±0,50
a*	10,52±0,23	10,22±0,24	10,48±0,33
b*	9,17±0,20	9,46±0,20	9,89±0,28
Straty termiczne (%) Thermal loss (%)	25,53±0,58	25,23±0,36	25,91±0,84
Siła cięcia (N) Shear force (N)	19,01±0,65	18,53±0,44	18,35±0,55

Omówienie wyników

Przeprowadzona identyfikacja polimorfizmów *g.2242C>G* i *g.2373C>T* w locus genu *MSTN* u kogutków mięsnej linii Ross 308 wykazała obecność jedynie substytucji *g.2373C>T*. Stwierdzono występowanie allelu T i heterozygot CT z frekwencją 0,43. Wyniki opisane w przedstawionej pracy są zbliżone do rezultatów, które uzyskali Ye i in. (2007), gdzie frekwencja allelu T u trzech komercyjnych linii chińskich brojlerów (X, Y i Z) wahała się od 0,17 do 0,52.

Wykazano brak wpływu genotypu na parametry wzrostu i wartości rzeźnej. Uzyskane wyniki nie potwierdzają rezultatów przedstawionych przez Ye i in. (2007), którzy analizując ten sam polimorfizm g.2373C>T stwierdzili jego dodatni wpływ na przyrosty masy ciała ptaków od 7. do 40. dnia życia. Obecność polimorfizmu w promotorze *MSTN* stwierdzili Paswan i in. (2014). Autorzy ci wykazali u kurcząt obecność trzech genotypów, przy czym najczęściej pojawiały się AA (63%) oraz AB (28%). Dominującym był allel A z frekwencją 0,76. Autorzy stwierdzili, że ptaki posiadające allel A z mutacją charakteryzowały się wyższą masą ciała w 4., 5. i 6. tygodniu życia. Zauważono także, że w dniu wylęgu pisklęta o genotypie BB cechowała znacznie większa masa ciała niż osobniki o pozostałych genotypach (Paswan i in., 2014).

Analizując LSM wartości cech poubojowych brojlerów Ross 308 wykazano, że najwyższe wartości takich parametrów, jak masa tuszy po schładzaniu, wydajność rzeźna zarówno z podrobami jak i bez podrobów, masa mięśni nóg oraz masa kości, występowały u homozygot TT. Heterozygoty CT odznaczały się największą masą mięśni piersiowych oraz ich wysoką zawartością tłuszczu. Homozygoty typu dziękiego CC charakteryzowały się największą ogólną zawartością podrobów i tłuszczu sadelkowego, jednocześnie osiągając najniższe wartości dla cech takich, jak masa tuszki po schłodzeniu, wydajność rzeźna z podrobami i wydajność rzeźna bez podrobów. Jednak wszystkie wyżej wymienione różnice nie były statystycznie istotne. Należy zwrócić uwagę, że większość pożądaných cech decydujących o opłacalności i wydajności produkcji, takich jak masa tuszki po schładzaniu, wydajność rzeźna z podrobami czy względnie niską, w porównaniu do innych, zawartość tłuszczu sadelkowego, stwierdzono u homozygot TT.

W niniejszej pracy przeprowadzono również analizę wpływu polimorfizmu na parametry jakości mięsa, takie jak: pH24, barwa mięsa, starty termiczne oraz siła cięcia. Wykazano, że wartość pH24 mięsa była zbliżona u wszystkich trzech genotypów. Parametry dotyczące barwy mięsa, takie jak L* (jasność) oraz b* (nasylenie barwy w kierunku żółci) miały zbliżone wartości wśród wszystkich analizowanych genotypów. Jedynie parametr a* (nasylenie barwy w kierunku czerwieni) wykazał najniższą wartość u homozygot CC, a najwyższą u homozygot TT. Wartości strat termicznych również zbliżone były u wszystkich analizowanych kurcząt. Natomiast wartość siły cięcia mięsa kogutków o genotypie CC była nieznacznie większa od wartości uzyskanych dla pozostałych badanych genotypów. Wielu autorów analizowało zmienność w genie *MSTN* u lokalnych, azjatyckich ras i linii. Z wykorzystaniem techniki PCR-SSCP u trzech linii kurcząt rasy bian wykryto cztery SNP (G2283A, C7552T, C7638T oraz T7661A). Badania wykazały, że kurczęta, u których wystąpiły mutacje charakteryzowały się większym przyrostem masy ciała niż ptaki, u których nie wystąpiła żadna z mutacji. Autorzy uważali, że mutacja G2283A wykryta w eksonie 1. może stać się markerem genetycznym wykorzystywanym w hodowli kurcząt rasy bian (Zhang i in., 2011). U tej samej rasy autorzy Genxi i in. (2014) zidentyfikowali szereg SNP w 5' UTR i potwierdzili ich związek z parametrami wzrostu. Zhiliang i in. (2004) w rejonie 3'UTR wykryli polimorfizm g.7263A>T i wykazali jego związek z masą i procentowym udziałem mięśni piersiowych w tuszce. Khaerunnisa i in. (2016) analizując wpływ substytucji g. 4842 T>G u 7 indonezyjskich populacji broj-

lerów wykazali wpływ genotypu w 2. eksonie na m.in. masę ciała, tuszki, masę mięśni piersiowych i masę skrzydeł. Interesujący jest fakt, że niektóre mutacje w genie miostatyny wpływają nie tylko na umięśnienie, lecz także na inne parametry, takie jak śmiertelność piskląt, co może świadczyć o efekcie plejotropowym genu (Ye i in., 2007).

Podsumowując, u kurcząt Ross 308 nie zidentyfikowano osobników z mutacją g.2242C>G. Populacja była monomorficzna i występowały w niej tylko ptaki o genotypie CC. Zidentyfikowano natomiast polimorfizm g.2373C>T. Najczęściej występowały kogutki o genotypach CT (0,43) oraz CC (0,36). Allel T z substytucją pojawiał się z frekwencją 0,43. Polimorfizm g.2373C>T w genie miostatyny nie warunkował parametrów wzrostu i wartości rzeźnej u kurcząt bojerów linii Ross 308.

Piśmiennictwo

- Baron E.E., Wenceslau A.A., Alvares L.E., Nones K., Ruy D.C., Schmidt G.S., Zanel-la E.L., Coutinho L.L., Ledur M.C. (2002). High level of polymorphism in the myostatin chicken gene. *Proc. 7th World Congr Genet Appl Livest Prod Montpellier*, ss. 19–23.
- Elkasrawy M.N., Hamrick M.W. (2010). Myostatin (GDF-8) as a key factor linking muscle mass and skeletal form. *J. Musculoskelet. Neuronal. Interact.* 10, 1: 56–63.
- Genxi M.J., Guojun D., Jinyu W., Yue W., Fuxiang L., Zhang L., Xiuhua Z., Kaizhou X., Wenhao W. (2014). Polymorphisms in 5' upstream region of the myostatin gene in four chicken breeds and its relationship with growth traits in the Bian chicken. *Afr. J. Biotech.*, 11: 9677–9682.
- Han J., Forrest R.H., Hickford J.G. (2013). Genetic variations in the myostatin gene (*MSTN*) in New Zealand sheep breeds. *Mol. Biol. Rep.*, 40: 6379–6384.
- Hill E.W., Gu I.J., Eivers S.S., Fonseca R.G., McGivney B.A., Govindarajan P., Orr N., Katz L.M., MacHugh D. (2010). A sequence polymorphism in *MSTN* predicts sprinting ability and racing stamina in Thoroughbred horses. *PLOS Articles* 5, 1: 1–6.
- Khaerunnisa I., Pramujo M., Arief I.I., Budiman C., Gunawan A., Sumantri C. (2016). Polymorphism of the T4842G myostatin gene is associated with carcass characteristics in Indonesian chicken. In *J. Poult. Sci.*, 8: 316–324.
- Kumar S. T., Dilbaghi N., Ahlawat S.P.S., Mishra B., Tantia M.S., Vijh R.K. (2007). Genetic relationship among chicken populations of India based on SNP markers of myostatin gene GDF 8. *J. Poult. Sci.*, 6: 684–688.
- Kwasek M. (2013). Tendencje w spożyciu mięsa na świecie. *Rocz. Ekon. KPSW w Bydgoszczy*, 6: 265–284.
- McPherron A.C., Lee S.J. (1997). Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94: 12457–12461.
- Mottivarie R. (2002). Expression of myostatin is not altered in lines of poultry exhibiting myofiber hyper- and hypoplasia. *Poultry Sci.*, 81: 799–804.
- Nowak M., Trziszka T. (2010). Zachowania konsumentów na rynku mięsa drobiowego. *Zywn.-Nauk. Technol. Ja.*, 68: 114–120.
- Paswan C., Bhattacharya T.K., Nagaraj C.S., Chatterjee R.N., Jayashankar M.R. (2014). SNPs in minimal promoter of myostatin (GDF-8) gene and its association with body weight in broiler chicken. *J. App. Anim. Res.*, 42: 304–309.
- Ye X., Brown S.R., Nones K., Coutinho L.L., Dekkers J.C.M., Lamont S.J. (2007). Associations of myostatin gene polymorphisms with performance and mortality traits in broiler chickens. *Genet. Selec. Evol.* 39, 1: 73–89.
- Zhang G., Ding F., Wang J., Dai G., Xie K., Zhang L., Wang W., Zhou S. (2011). Polymorphism in exons of the myostatin gene and its relationship with body weight traits in the Bian chicken. *Biochemical. Genet.*, 49: 9–19.

- Zhang G.X., Zhao X.H., Wang J.Y., Ding F.X., Zhang L. (2012). Effect of an exon 1 mutation in the myostatin gene on the growth traits of the Bian chicken. *Anim. Genet.*, 43, 4: 458–459.
- Zhiliang G., Dahai Z., Ning L., Hui L., Xuemei D., Changxin W. (2004). The single nucleotide polymorphisms of the chicken myostatin gene are associated with skeletal muscle and adipose growth. *Sci. China Life. Sci.*, 47: 25–30.
- Zhang L., Tang M., Yang J., Wang O., Cai C., Jiang S., Li H., Jiang K., Gao P., Ma D., Chen X., An X., Li K., Cui W. (2015). Targeted mutations in myostatin by zinc-finger nucleases result in double-muscled phenotype in Meishan pigs. *Sci. Rep.*, 5, 14435: 1–13.

Zatwierdzono do druku: 10 VII 2020

URSZULA KACZOR, KATARZYNA POŁTOWICZ, DOMINIK BZDZIUŁA, JOANNA NOWAK

Polymorphism in the myostatin gene (*MSTN*) as related to growth and slaughter value of Ross 308 broilers

SUMMARY

The aim of the study was to identify single nucleotide polymorphisms (SNP) g.2242C>G and g.2373C>T at the myostatin gene (*MSTN*) locus in broiler chickens of the commercial Ross 308 line, reared to 45 days of age. No SNP g.2242C>G was found and the population was shown to be monomorphic. The g.2373C>T polymorphism was identified and the highest frequency was observed in cockerels of CT (0.43) and CC (0.36) genotypes. The T allele with substitution had a frequency of 0.43. The analysis made of cockerel growth until 45 days of age, slaughter value parameters and physicochemical traits of meat quality showed no effect of *MSTN* gene variation on the studied traits.

Key words: broiler chickens, slaughter value, meat quality, polymorphism, *MSTN*