

AKTUALNE KIERUNKI BADAŃ NAD GENETYCZNYMI UWARUNKOWANIAMIS DZIELNOŚCI LOTOWEJ GOŁĘBI POCZTOWYCH

**Monika Stefaniuk-Szmukier, Katarzyna Piórkowska,
Katarzyna Ropka-Molik**

Instytut Zootechniki Państwowy Instytut Badawczy, Zakład Biologii
Molekularnej Zwierząt, 32-083 Balice k. Krakowa

Abstrakt

Hodowla gołębi pocztowych w Polsce, zaraz za belgijską i holenderską, jest bezsprzecznie jedną z czołowych w Europie. Ponadto sport związany z lotowaniem ptaków jest wysoko dochodową gałęzią przemysłu zarówno na rynku usług, produktów jak i hodowli amatorskiej, a elitarne ptaki osiągające wybitne wyniki sportowe są wyceniane w tysiącach euro. W ostatnich latach jednym z prężnie rozwijających się obszarów badań w zakresie doskonalenia zwierząt jest poszukiwanie genetycznego podłoża cech związanych z szeroko pojętym użytkowaniem. W pracy podsumowano oraz przedstawiono dotychczasowe osiągnięcia, jak i aktualne kierunki badań w zakresie genetycznych podstaw dzielności lotowej gołębi pocztowych.

Słowa kluczowe: gołębie pocztowe, dzielność lotowa, lotowanie

Wstęp

Hodowla gołębi pocztowych w Polsce, zaraz za belgijską i holenderską, jest bezsprzecznie jedną z czołowych w Europie. Tradycje sportowego lo-

towania gołębi sięgają początku XX wieku, pierwsze stowarzyszenie hodowców gołębi zostało założone już w 1905 roku w Zabrzu. Po odzyskaniu przez Polskę niepodległości w 1918 roku za zgodą Ministerstwa Spraw Wojskowych powstało kilkanaście takich stowarzyszeń. Mimo że talenty hodowlane i wyniki polskich hodowców zostały dostrzeżone przez środowisko międzynarodowe, II wojna światowa spowodowała nieodwracalne straty. Niemiecki okupant, ze względu na możliwość wysyłania informacji przez te ptaki, zarekwirował wszystkie stada gołębi, jak również zakazał ich hodowli oraz lotowania pod groźbą utraty życia. Tuż po wojnie polska hodowla zaczęła się jednak ponownie odradzać. W Krakowie w 1946 roku powołano ogólnopolską organizację hodowców oraz stworzono program hodowlany. Siedzibą Związku Hodowców Gołębi pocztowych został Poznań, gdzie również wznowiono wydawnictwo branżowe „Hodowca Gołębi Poczтовых” z tradycjami sprzed II WŚ. Dwa lata później w Katowicach zorganizowano pierwszą ogólnopolską wystawę oraz pierwszy międzynarodowy lot ze startem na statku „Błyskawica”, w którym uczestniczyło 20 000 gołębi (www.pzhg.pl). Aktualnie w Polskim Związku Hodowców Gołębi zrzeszonych jest około 40 000 hodowców, a szacowana populacja gołębi liczy 5 700 000 sztuk, natomiast corocznie w lotach biorą udział blisko dwa miliony ptaków (www.pzhg.pl). Ponadto, hodowla i sport związany z gołębiem pocztowym są wysoko dochodową gałęzią przemysłu zarówno na rynku usług, produktów, jak i hodowli amatorskiej. Elitarne ptaki osiągające wybitne wyniki sportowe są wyceniane w tysiącach euro. W 2012 roku rekordowa cena za ptaka osiągnęła 207 tysięcy euro (Shapiro i Domyan, 2013), a w 2013 roku gołąb Bolt sprzedany został za cenę 310 tysięcy euro, co stanowi jeden z rekordów. Z kolei w przypadku sprzedaży całych hodowli ceny sięgają milionów euro.

Klasyfikacja sportowa gołębi

Gołębie sportowe biorą udział we współzawodnictwie lotowym na różnych dystansach i w różnych kategoriach (Kat.) odpowiednich do rangi organizowanych lotów: Kat. A – loty z odległością: 100–400 km (krótki dystans); Kat. B – loty z odległością: 300–600 km (średni dystans); Kat. C – loty powyżej 500 km (długi dystans); Kat. M – loty powyżej 700 km (maraton). Karierę rozpoczynają w roku urodzenia w konkursach dla gołębi młodych. Ostateczne rankingi osiągnięć ptaków podczas danego sezonu lotowego są oparte na punktach tzw. ACE. Punkty te są przyznawane gołębiom, które ukończyły dany lot (w Polsce 20% gołębi ze stawki wygrywa

nagrody), a maksymalną ilość punktów dostaje pierwszy gołąb na mecie. Punkty ACE dla indywidualnych gołębi obliczane są wg wzoru (Dybus i in., 2021):

$$AP = \left[\frac{a - b + 1}{a} \right] \times 100$$

gdzie:

AP – zdobyte punkty ACE;

a – liczba startujących gołębi z zastrzeżeniem średnia 20% z listy startowej (lub mniejsza niż 20% jeżeli mniej niż 20% startujących gołębi ukończyło lot);

b – miejsce na liście ukończenia lotu.

Przegląd potencjalnych markerów molekularnych wykorzystywanych przy wspomaganie selekcji u gołębi pocztowych

Współczesny gołąb pocztowy jest wynikiem krzyżowania wielu linii gołębi oraz ostrej jednostronnej selekcji na cechy lotowe ukierunkowane na szybkość, wytrzymałość i orientację przestrzenną w terenie, w celu otrzymania ptaka, który w jak najkrótszym czasie w różnych warunkach pogodowych przy średniej szybkości większej niż 70 km/h przemierzy określoną odległość do gołębnika (Caspermeyer, 2018). Doskonalenie zwierząt hodowlanych, w tym również gołębi pocztowych, przy użyciu podstawowych metod opartych na fenotypowej obserwacji osobników rodzicielskich, analizie rodowodowej oraz zestawianiu wyników lotowych przyniosło niekwestionowaną poprawę wielu istotnych cech z punktu widzenia osiągnięć sportowych ptaków. Odpowiednio prowadzona praca hodowlana tworzy podstawę programów hodowlanych, których nadrzędnym celem jest przyspieszenie postępu hodowlanego przy zachowaniu maksymalnej zmienności genetycznej. W ostatnich latach jednym z prężnie rozwijających się obszarów badań w zakresie doskonalenia zwierząt jest poszukiwanie genetycznego podłoża cech związanych z szeroko pojętym użytkowaniem. Wykorzystanie markerów genetycznych w sporcie jest popularne między innymi u ludzi (Ahmetov i Fedotovskaya, 2015), koni (Hill i in., 2010), (Ropka-Molik i in., 2019), czy też psów (Huson i in., 2011). W porównaniu do innych zwierząt wykorzystywanych w sporcie poszukiwanie genetycznych podstaw ekstremalnych osiągnięć u gołębi pocztowych pozostaje niszowe. Brakuje badań uwzględniających duże grupy osobników w celu asocjacji

miejsc genomowych uprzednio wytypowanych z zastosowaniem narzędzi współczesnej genetyki molekularnej, takich jak sekwencjonowanie całego genomu czy transkryptomu. Niemniej jednak na mniejszą skalę, za pomocą tańszych i tradycyjnie dostępnych technik, podejmowane są badania poszukiwania asocjacji między potencjalnymi markerami a dzielnością wyścigową gołębi. Dotychczas wytypowano zmiany pojedynczych nukleotydów w genach: *LDHA*, *LDHB*, *DRD4*, *MSTN*, *AGLOB* i in. kodujących białka odpowiedzialne za regulacje istotnych procesów metabolicznych związanych z wysiłkiem mięśni czy predyspozycje mentalne (Dybus i in., 2018). Aktualnie funkcjonujące na rynku markery wybierane są na podstawie predykcji między fizjologicznymi procesami warunkującymi loty ptaków a cechami fenotypowymi (*LDHA*, *DRD4*, *CRY1*). Jedne z pierwszych opracowań dotyczących identyfikacji polimorfizmów w genach kandydujących polegały na izolacji DNA, amplifikacji cDNA miejsc kodujących białko oraz cięciu enzymami restrykcyjnymi (Dybus i Kmiec, 2002; Dybus, 2007).

Polimorfizmy w genie *LDHA*

Pierwszymi wytypowanymi markerami dla gołębi pocztowych były dwa warianty w genie *LDHA*, który koduje enzym, dehydrogenazę mleczanową, katalizującą przejście pirogronianu w mleczan, istotne źródło energii dla pracujących mięśni ssaczy (Van Hall, 2000). W pierwszych badaniach na początku XXI wieku analizowano przy pomocy losowego cięcia enzymami restrykcyjnymi (*HaeIII* i *NlaIV*) fragmentu genu *LDHA* obejmującego część egzonu 1, 2 i 7, sekwencji flankujących oraz fragmentu regionu 3'UTR. Na grupie 45 gołębi zidentyfikowano w tym regionie potencjalne miejsca polimorficzne, które nazwano allelami A:B; C:D (Dybus i Kmiec, 2002). W celu molekularnej identyfikacji tych miejsc polimorficznych oraz określeniu częstości występowania alleli i ich frekwencji w populacji gołębi pocztowych, analizowane fragmenty genu *LDHA* poddano sekwencjonowaniu metodą Sangera. Metoda ta pozwoliła zidentyfikować dwie zmiany polimorficzne w 6 intronie genu *LDHA*, określono je wówczas jako warianty A(AGCC, TTAAT) i B(GGCC, TGAAT). Ze względu bliskości z miejscem donorowym składania genu, tzw. miejscem *splicingowym*, mogą one wpływać na ekspresję różnych wariantów genu *LDHA*, poziom jego transkryptu, a także aktywność enzymatyczną tego białka. Według pracy Dybusa i in. (2006) najkorzystniejszy genotyp u gołębi pocztowych to AA, ale także w zależności od badanych populacji AB. U gołębi selekcyonowanych na dzielność lotową wykazano istotnie wyższą frekwencję allelu *LDHA_A* u gołębi

pocztowych (Dybus i in., 2006). Z kolei Ramadan i in. (2013) w populacji gołębi egipskich wykazali obecność 6 miejsc polimorficznych, w tym regionu mikrosatelitarnego (TTTAT)₃₋₅ zlokalizowanego w 6 intronie tego genu. Dalsze badania w oparciu o analizę statystyczną uwzględniającą model BLUP w celu oszacowania wartości hodowlanej (EBV) dla całkowitego dystansu podczas kariery sportowej (przez autorów określona jako przeżywalność; ang. *survivability*), wykazała wysoko istotną asocjację poszczególnych wariantów sekwencji mikrosatelitarnej z szacowaną wartością hodowlaną (EBV) na dystansach powyżej 2000 km (Ramadan i in., 2018). W badaniach, które przeprowadzili Proskura i in. (2014), analizowano wpływ polimorfizmu w genie *LDHA* na osiągi lotowe gołębi pocztowych w Polsce. Uwzględniono tam 123 gołębie (60 samiec i 63 samce) pochodzące z dwóch *loftów*. Wszystkie ptaki biorące udział w doświadczeniu były poddane treningowi zgodnemu z metodą wdowieństwa oraz w sezonie startowały w lotach, uzyskując punkty ACE. Ptaki w tych badaniach zostały zgenotypowane za pomocą łatwej i taniej metody PCR-RFLP, przy pomocy której oznaczono trzy miejsca polimorficzne w genie *LDHA* g.2582481G>A, g.2583935G>A i g.2584057C>T. Analiza statystyczna obejmująca asocjację między efektem otrzymanych genotypów a punktami ACE osiągniętymi w lotach na krótkim (mniej niż 400 km) i długim (ponad 500 km) dystansie wykazała, że zmiana polimorficzna g.2582481G>A potencjalnie wpływała na dzielność lotową na wszystkich dystansach lotów, ale istotnym czynnikiem była tu także płeć, ponieważ gołębice miały statystycznie istotnie wyższe możliwości lotowe, w odniesieniu do samców.

Polimorfizm w genie *DRD4*

Na podstawie wyników badań na innych gatunkach zwierząt i ludzi analizie poddano gen kodujący receptor dopaminy 4 (*DRD4*). U ludzi mutacje w tym genie powiązane z różnymi fenotypami behawioralnymi, w tym dysfunkcją autonomicznego układu nerwowego, zespołem deficytu uwagi/nadpobudliwością oraz cechą osobowości polegającą na poszukiwaniu nowości. U gołębi, za pomocą sekwencjonowania metodą Sangera, przeanalizowano 3 egzony oraz flankujące fragmenty intronowe. W genie tym zidentyfikowano cztery zmiany polimorficzne pojedynczych nukleotydów (*Single Nucleotide Polymorphism* – *SNP*). Przy wykorzystaniu techniki PCR-RFLP wykazano, że g.129954C>T; g.129456C>T mają istotny wpływ na dzielność lotową ptaków wyrażoną w punktach ACE. Wykazano także, że zmiana g.129456C>T oraz allel T w podwójnej kombinacji

g.129954T; g.129456T wpływały istotnie na wyniki gołębi na dystansach krótkich (mniej niż 400 km) (Proskura i in., 2017). Najwyższe punkty ACE osiągały gołębie o genotypie *CTCT*, najniższe *CCCC*. Dodatkowo, w pracy Shao i in., 2020, wykazano, że region zawierający gen *DRD4* jest u gołębi sportowych pod wpływem presji selekcyjnej.

Polimorfizm w genie *F-Ker*

W badaniach poddano także analizie gen *F-KER*, kodujący białko keratyny budujące pióra ptaków. W celu identyfikacji miejsc polimorficznych przeprowadzono sekwencjonowanie czterech regionów tego genu u 2 gołębi sportowych i dwóch kontrolnych. Wykazano dwa miejsca polimorficzne: w rejonie 5'UTR oraz miejscu kodującym białko keratyny (Dybus i Haase, 2011). Kolejno jako istotną wytypowano zamianę polimorficzną g.701T>G w 83. kodonie łańcucha aminokwasowego zmieniającą w sekwencji białka cysteinę (C) na glicynę (G), która wykazały istotny wpływ na wyniki lotów długodystansowych gołębi wyrażonych w średniej punktacji ACE. W badaniach na próbie o liczebności 123 sztuki, ptaki o genotypie TT osiągały statystycznie istotnie więcej punktów ACE na długich dystansach ($P = 0.0243$), natomiast osobniki o genotypie GT lepsze wyniki na dystansach krótkich, jednak bez statystycznej istotności (Proskura i in., 2017).

Polimorfizm w genach *LPR8* i *GSR*

Aktualnie trwają prace nad oceną potencjalnie ważnych markerów dla lotów gołębi w genie *LPR8*, który koduje białko związane z receptorem LDL8 (zwane również receptorem apolipoproteiny E 2 lub ApoER2), należące do rodziny receptorów lipoprotein o małej gęstości. *LPR8* i jego ligand Relina są niezbędne do indukcji długotrwałego wzmocnienia (LTP – *long term potentiation*) i mają kluczowe znaczenie dla uczenia się, pamięci i funkcji poznawczych. U gołębi zidentyfikowano mutację typu zmiana sensu zmieniającej glutaminę (Q) na histydynę (H), w konserwatywnej domenie nazwanej domena receptora lipoprotein o małej gęstości klasy A. Mutacja ta może potencjalnie spowodować zmiany zdolności do tworzenia helis i powinowactwo lipidów do dalszego oddziaływania i prawidłowej funkcji tego białka. Dlatego też mutacja w genie *LPR8* może zmieniać niektóre szlaki w części mózgu – hipokampie, aby poprawić zdolność pamięci przestrzennej u gołębi pocztowych. Częstotliwość zidentyfikowanej mutacji (allel H) u gołębi pocztowych wynosi ponad 81%, podczas gdy u innych gołębi tylko 24%. Korzystnym wariantem dla gołębi pocztowych

jest wariant H. Niemniej jednak nadal trwają prace nad oceną wpływu zidentyfikowanej mutacji na osiągi lotowe gołębi pocztowych.

Z kolei gen *GSR* koduje białko katalizujące redukcję dwusiarczku glutationu (GSSG) do postaci sulfhydrylowej glutationu (GSH) poprzez wykorzystanie grupy protetycznej dinukleotydu flawinoadeninowego (FAD) i zredukowanego fosforanu dinukleotydu nikotynamidoadeninowego (NADPH) w celu redukcji jednomolowej równoważnika GSSG do dwóch równoważników molowych GSH. Glutation jest kluczową cząsteczką w walce ze stresem oksydacyjnym i może zapobiegać uszkodzeniom ważnych składników komórkowych spowodowanych przez reaktywne formy tlenu, takie jak wolne rodniki, nadtlenki, nadtlenki lipidów i metale ciężkie. U gołębi białko *GSR* ulega różnicowej ekspresji w siatkówce oka oraz zgrubieniu nad dziobem (woskówce) w zależności od mutacji zlokalizowanej 410 bp poniżej genu *GSR*, co powiązano z magnetoreceptoryką czyli tzw. powrotnością. U gołębi pocztowych występuje przewaga korzystnego allelu T, ale już u osobników heterozygotycznych CT obserwowane są problemy z magnetorecepcją, dlatego generalnie niekorzystne jest występowanie allelu C w populacjach gołębi pocztowych.

Polimorfizmy w innych genach kandydujących

W badaniach Dybusa i in. z roku 2018 przeanalizowano związek między zmianami typu SNP w genach kodujących miostatynę (*MSTN*), alfablobinę (*AGLOB*) i dehydrogenazę mleczanową podjednostkę H (*LDHB*) a wynikami lotowymi gołębi pocztowych. W badaniach wykorzystano 123 osobniki (63 samce, 60 samic). Za pomocą metody PCR-RFLP przeanalizowano 4 SNP. *AGLOB*: g.2899462C>T, *LDHB*: g.564756A>G, g.564102A>G i *MSTN*: g.11440232C>T. W badaniach asocjacyjnych wykorzystano wyniki lotów krótkich (mniejszych niż 400 km) i długich (powyżej 500 km), a także wszystkie loty razem: 2589 w tym 1463 krótkie i 1126 długich). Osiągnięcia zostały kwalifikowane za pomocą skali ACE. Nie wykazano jednak istotnego wpływu badanych zmian polimorficznych na dzielność lotową gołębi. Ostatnie badania wykazały potencjalny wpływ genu *CRY1* kodującego konserwatywne białko wiążące dinukleotyd flawinoadeninowy będący regulatorem zegara okołodobowego. Zmiany polimorficzne w tym genie dotychczas zostały powiązane z zaburzeniami czasu snu i czuwania. W badaniach Dybusa i in. (2021) wykazano potencjalną asocjację zmiany polimorficznej c.1086+287_1086+288delAGinsTT ze średnią wartością punktów ACE (Dybus i in., 2021).

Zastosowanie wysokoprzepustowych technik w poszukiwaniu zmian w genomie gołębi powstałych w wyniku presji selekcyjnej

Rozwój i udoskonalenie technologii wysokoprzepustowych technik sekwencjonowania nowej generacji umożliwiło podjęcie badań mających na celu poznanie sygnatur selekcji czyli miejsc w genomie gołębi będących pod wpływem presji selekcyjnej w populacjach gołębi pocztowych. Dzięki sekwencjonowaniu całych genomów i porównaniu ich z genomami ras selekcionowanych na cechy eksterierowe, wytypowano regiony w genach: *CASK*, *LRP8*, *GSR*, *AVPRIA*, *SSBP3*, *LDLRAD1*, *TCEANC2*, *CDCP2*, *CPT2*, *LOC10208909*, *MRPL37*, *DMRTB1*, *GLIS1*, *MAGOH*, *MTUS2*, (Gazda i in., 2018; Shao i in., 2020), które potencjalnie powinny mieć związek z wynikami lotowymi gołębi pocztowych. Dlatego między innymi podjęto próbę oceny zmian polimorficznych w genach *LRP8* i *GSR*. Z kolei analiza transkryptomyczna fragmentów mózgu gołębia, w tym hipokampu, płata wzrokowego i węchowego przy wykorzystaniu techniki RNASeq, umożliwiła identyfikację kolejnych genów: *MFSD2A*, *KIRREL3*, *KCNAB2*, *MAPL8IP2* potencjalnie mających wpływ na zdolności lotowe gołębi sportowych (Shao i in., 2020). Niemniej jednak, poza dwoma wskazanymi genami, żaden inny nie został dotychczas przeanalizowany w kontekście wykorzystania jako potencjalny marker zdolności lotowych gołębi.

Istniejące rozwiązania technologiczne

Aktualnie funkcjonujące na rynku polskim, jak również europejskim komercyjnie oznaczane markery w genach *LDHA* (g.2582481G>A) i *DRD4* (g.129954C>T; g.129456C>T) nie są objęte patentem, a informacje o ich wpływie opisane zostały dotychczas jedynie w publikacjach naukowych. Ocena powyższych markerów jest wyjątkowo prosta dla hodowcy, ponieważ materiał biologiczny wykorzystywany do izolacji DNA może stanowić krew obwodowa, pióra lub pobrane z dzioba wymazy. DNA izolowane jest za pomocą komercyjnie dostępnych zestawów do izolacji, fragment genu podlegającego analizie jest amplifikowany w dostępnych w laboratoriach genetyki molekularnej termocyklerach przy wykorzystaniu starterów opisanych wcześniej w publikacjach naukowych. W celu określenia genotypu, amplikony poddawane są kolejno cięciu restrykcyjnemu z wykorzystaniem enzymów trawiących sekwencję DNA tylko w specyficznych regionach,

co determinuje po rozdziale elektroforetycznym charakterystyczny dla polimorfizmu wzór prążkowy. Ocena taka może zostać wykonana już w kilka dni od momentu dostarczenia materiału biologicznego. Dlatego też w wielu laboratoriach w Polsce i na świecie można wykonać takie badania genetyczne w celu wyznaczenia osobników posiadających korzystne warianty genów związane z dzielnością lotową gołębi, aby w świadomy sposób kierować swoimi planami hodowlanymi.

Piśmiennictwo

- Ahmetov I.I., Fedotovskaya O.N. (2015). Current progress in sports genomics. *Adv. Clin. Chem.*, 70: 247–314.
- Caspermeyer J. (2018). Using whole-genome analysis to home in on racing pigeon performance. *Mol. Biol. Evol.*, 35: 1296–1296.
- Dybus A. (2007). Two new PCR-RFLPs in the domestic pigeon (*Columba livia* var. *domestica*) lactate dehydrogenase A (LDH-A) gene (Brief report). *Arch. Anim. Breed.*, 50: 112–113.
- Dybus A., Haase E. (2011). Feather keratin gene polymorphism (F-KER) in domestic pigeons. *Br. Poultry Sci.*, 52: 173–176.
- Dybus A., Kmieć M. (2002). PCR-RFLPs within the lactate dehydrogenase (LDH-A) gene of the domestic pigeon (*Columba livia* var. *domestica*). *J. Appl. Gen.*, 34 (4):501–504.
- Dybus A., Proskura W.S., Pawlina E., Nowak B. (2018). Associations between polymorphisms in the myostatin, α A-globin and lactate dehydrogenase B genes and racing performance in homing pigeons. *Vet. Med. (Praha)*, 63: 390–394.
- Dybus A., Kulig H., Yu Y.H., Lanckriet R., Proskura W., Cheng Y.H. (2021). CRY1 gene polymorphism and racing performance of homing pigeons. *Animals (Basel)*, 11 (9): 2632.
- Dybus A., Pijanka J., Cheng Y.H., Sheen F., Grzesiak W., Muszyńska M. (2006). Polymorphism within the LDHA gene in the homing and the non-homing pigeons. *J. Appl. Gen.*, 47: 63–66.
- Gazda M.A., Andrade P., Afonso S., Dilytė J., Archer J.P., Lopes R.J., Faria R., Carneiro M. (2018). Signatures of selection on standing genetic variation underlie athletic and navigational performance in racing pigeons. *Mol. Biol. Evol.*, 35: 1176–1189.
- Hill E.W., Gu J., Eivers S.S., Fonseca R.G., McGivney B.A., Govindarajan P., Orr N., Katz L.M., MacHugh D.E. (2010). A sequence polymorphism in MSTN predicts sprinting ability and racing stamina in Thoroughbred horses. *PLOS ONE*, 5 (1): 8645.
- Huson H.J., Byers A.M., Runstadler J., Ostrander E.A. (2011). An SNP within the angiotensin-converting enzyme distinguishes between sprint and distance performing Alaskan sled dogs in a candidate gene analysis. *J. Hered. Suppl.*, 1 (S1): S19–27.
- Proskura W.S., Cichoń D., Grzesiak W., Zaborski D., Sell-Kubiak E., Cheng Y.H., Dybus A. (2014). Single nucleotide polymorphism in the LDHA gene as a potential marker for the racing performance of pigeons. *J. Poultry Sci.*, 51: 364–368.
- Proskura W.S., Lukaszewicz A., Dzierzba E., Cichon D., Zaborski D., Grzesiak W., Dybus A. (2017). The Cys83Gly amino acid substitution in feather keratin is associated with pigeon performance in long-distance races. *Vet. Med. (Praha)*, 62: 221–225.
- Ramadan S., Yamaura J., Miyake T., Inoue-Murayama M. (2013). DNA polymorphism within LDH-A gene in pigeon (*Columba livia*). *J. Poultry Sci.*, 50: 194–197.
- Ramadan S., Miyake T., Yamaura J., Inoue-Murayama M. (2018). LDHA gene is associated with pigeon survivability during racing competitions. *PLOS ONE*, 13 (5): e0195121.
- Ropka-Molik K., Stefaniuk-Szmukier M., Szmatoła T., Piórkowska K., Bugno-Poniewierska M. (2019). The use of the SLC16A1 gene as a potential marker to predict race performance in Arabian horses. *BMC Genetics*, 20: 73.

- Shao Y., Tian H.Y., Zhang J.J., Kharrati-Koopae H., Guo X., Zhuang X.L., Li M.L., Nanaie H.A., Dehghani Tafti E., Shojaei B., Reza Namavar M., Sotoudeh N., Oluwakemi Ayoola A., Li J.L., Liang B., Esmailizadeh A., Wang S., Wu D.D. (2020). Genomic and phenotypic analyses reveal mechanisms underlying homing ability in pigeon. *Mol. Biol. Evol.*, 37:134–148.
- Shapiro M.D., Domyan E.T. (2013). Domestic pigeons. *Curr Biol.*, 23 (8): R302–303.
- Van Hall G. (2000). Lactate as a fuel for mitochondrial respiration. *Acta Physiol Scand.*, 168: 643–656.

Zatwierdzono do druku: 8 XII 2022

**Monika Stefaniuk-Szmukier, Katarzyna Piórkowska,
Katarzyna Ropka-Molik**

CURRENT RESEARCH DIRECTIONS IN THE GENETIC BASIS OF FLIGHT PERFORMANCE IN RACING PIGEONS

SUMMARY

Pigeon breeding in Poland, right behind Belgian and Dutch pigeon breeding, is unquestionably one of the leading in Europe. In addition, the pigeon racing sport is a highly profitable industry in both the service, product and amateur breeding markets, with elite birds achieving outstanding sporting results being valued in the thousands of euros. In recent years, one of the rapidly growing areas of research in animal improvement has been the search for the genetic basis of traits related to multiple aspects of utilization. This paper summarizes and presents the achievements to date, as well as current research directions in the field of the genetic basis of flight performance in racing pigeons.

Key words: racing pigeons, flight performance, racing